

DOI: <https://doi.org/10.17816/fm16148>

Связь между судебно-медицинской экспертизой ДНК и судебной одонтологией при идентификации личности в случаях массовой гибели людей: систематический обзор

R.M. Lopez Toribio, N.E. Castaneda Eugenio, D.A. Manrique de Lara Suarez

Национальный университет Эрмилио Вальдизан, Уануко, Перу

АННОТАЦИЯ

Обоснование. Согласно литературным данным, судебная одонтология является одним из наиболее эффективных и доступных научных методов идентификации жертв массовых бедствий. В данном исследовании рассматриваются роль и функции судебных одонтологов, участвовавших в расследовании нескольких крупных массовых бедствий. Проведение судебно-медицинской экспертизы ДНК в одонтологии обусловлено её важностью при идентификации жертв массовых бедствий. Поскольку уровень преступности продолжает расти, область судебной медицины претерпела значительные изменения. Судебные стоматологи играют ключевую роль в различных областях исследования места преступления, помогая тем самым раскрывать многочисленные случаи гибели людей.

Цель работы — расширение базы знаний для будущих исследований в области судебной одонтологии путём проведения систематического обзора публикаций, связанных с судебно-медицинской экспертизой ДНК методами одонтологии для идентификации жертв массовых бедствий.

Материалы и методы. Поиск публикаций осуществлялся до февраля 2024 года в базах данных Google Scholar, PubMed, Scopus, Embase, Web of Science и ScienceDirect. Отбор научных работ выполняли в соответствии с чек-листом PRISMA.

Результаты. Всего было отобрано 16 (100%) исследований, посвящённых судебно-медицинской экспертизе ДНК, проводимой на образцах, взятых у жертв массовых бедствий, из них только 7 (43,75%) статей связаны с анализом ДНК зубов. Из 4808 статей было исключено 138 дубликатов или публикаций, не относящихся к теме исследования. После полнотекстового обзора было отобрано 7 работ, соответствовавших критериям включения. Наибольшее количество жертв было идентифицировано путём выделения ДНК из образцов зубов. В нескольких исследованиях авторам не удалось выполнить полное ДНК-профилирование с учётом применяемого метода извлечения ДНК.

Заключение. Анализ ДНК сыграл важную роль в идентификации жертв нескольких массовых бедствий по всему миру. Несмотря на тот факт, что зубы человека являются отличным источником ДНК, в будущем будет полезным провести ряд исследований с большим размером выборки и соответствующими контрольными группами с использованием стандартизированных методов извлечения ДНК.

Ключевые слова: идентификация личности; ДНК-дактилоскопия; судебная одонтология; судебно-медицинская экспертиза ДНК; зубы.

Как цитировать:

Lopez Toribio R.M., Castaneda Eugenio N.E., Manrique de Lara Suarez D.A. Связь между судебно-медицинской экспертизой ДНК и судебной одонтологией при идентификации личности в случаях массовой гибели людей: систематический обзор // Судебная медицина. 2024. Т. 10, № 3. С. 372–397. DOI: <https://doi.org/10.17816/fm16148>

DOI: <https://doi.org/10.17816/fm16148>

Association between forensic DNA and odontology in human identification during mass disaster: a systematic review

Roe M. Lopez Toribio, Nancy E. Castaneda Eugenio, Digna A. Manrique de Lara Suarez

Hermilio Valdizán National University, Graduate School, Graduate School, Huanuco, Peru

ABSTRACT

BACKGROUND: According to the literature, forensic odontology is one of the most effective and affordable scientific techniques for identifying victims of mass disasters. This research methodically reviews the role and function of forensic odontologists in several global mass disasters. Forensic DNA in odontology is associated with the importance of its application in the identification of humans of mass disasters. As the crime rate continues to rise, the field of forensic medicine has evolved significantly. Forensic dentists play a pivotal role in various areas of crime scene investigations, thereby helping solve innumerable mysteries.

AIM: The study aimed to increase the body of knowledge for future research on forensic odontology by conducting a systematic review search to investigate possible forensic DNA in odontology associated with the importance of its application in the identification of humans of mass disasters.

MATERIALS AND METHODS: Six databases, including Google Scholar, PubMed, Scopus, Embase, Web of Science, and ScienceDirect, were analyzed using the Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses (PRISMA) quality scale. The literature search, conducted until February 2024, informed important research choices.

RESULTS: A total of 16 (100%) studies related to forensic DNA of mass disasters were identified. Of these, only seven (43.75%) articles related to dental DNA were included in this review. Of the 4,808 articles obtained, 138 duplicates or irrelevant articles were eliminated. Following a full-text review, seven studies were selected based on eligibility criteria. The highest percentage of victims was identified using dental DNA. In a few studies, some samples were insufficient for complete DNA profiling due to factors such as the method of DNA extraction.

CONCLUSION: Forensic odontology has played a significant role in the identification of victims of several mass disasters around the world. Although teeth are an excellent source of DNA for humans, future studies with larger sample sizes, appropriate control groups, and standardized techniques of DNA extraction need to be conducted.

Keywords: human identification; DNA fingerprinting; forensic odontology; forensic DNA; teeth.

To cite this article:

Lopez Toribio RM., Castaneda Eugenio NE., Manrique de Lara Suarez DA. Association between forensic DNA and odontology in human identification during mass disaster: a systematic review. *Russian Journal of Forensic Medicine*. 2024;10(3):372–397. DOI: <https://doi.org/10.17816/fm16148>

DOI: <https://doi.org/10.17816/fm16148>

大规模死亡案件中识别个人身份时法医 DNA 鉴定与法医牙科学的关系：系统性综述

Roe M. Lopez Toribio, Nancy E. Castaneda Eugenio, Digna A. Manrique de Lara Suarez

Hermilio Valdizán National University, Graduate School, Graduate School, Huanuco, Peru

摘要

论证。根据文献数据，法医牙科学是识别大规模灾难受害者身份的最有效、最便捷的科学方法之一。本研究探讨了参与侦查几个重大大规模灾难的法医牙医的作用和职能。法医 DNA 鉴定在识别大规模灾难受害者身份中的重要性决定其在牙科学的作用。随着犯罪率的不断上升，法医牙科领域也发生了重大变化。法医牙医在犯罪现场调查的各个领域中发挥着关键作用，从而有助于破获无数起死亡案件。

该研究的目的是通过对与法医 DNA 鉴定在识别大规模灾难受害者身份中有关的出版物进行系统性综述，以拓宽法医牙科学未来研究的知识基础。

材料与方法。在 Google Scholar、PubMed、Scopus、Embase、Web of Science 和 ScienceDirect 等数据库中检索了截至 2024 年 2 月的文献。科学论文根据 PRISMA 检查表进行筛选。

结果。共有 16 项关于对大规模灾难受害者标本进行法医 DNA 鉴定的研究（100%）被选中。其中，只有 7 篇文章（43.75%）与牙科 DNA 分析有关。在 4808 篇文章中，138 篇重复或与研究主题无关的文章被排除在外。经过全文审阅，选出了 7 篇符合纳入标准的论文。通过从牙科标本中分离 DNA 来确认身份的受害者人数最多。在少数研究中，由于使用的 DNA 提取方法不同，作者无法进行完整的 DNA 指纹分析。

结论。DNA 分析在识别世界各地几个大规模灾难受害者身份的方面发挥了重要作用。尽管人类牙齿是 DNA 的绝佳来源，但使用标准化的 DNA 提取方法进行样本量更大、对照组更适当的研究在未来将大有用武之地。

关键词：个人身份识别；DNA 指纹分析；法医牙科学；法医 DNA 鉴定；牙齿。

引用本文：

Lopez Toribio RM., Castaneda Eugenio NE., Manrique de Lara Suarez DA. 大规模死亡案件中识别个人身份时法医 DNA 鉴定与法医牙科学的关系：系统性综述. *Russian Journal of Forensic Medicine*. 2024;10(3):372–397. DOI: <https://doi.org/10.17816/fm16148>

收到: 20.05.2024

接受: 19.06.2024

发布日期: 17.09.2024

ОБОСНОВАНИЕ

Массовые бедствия — внезапные, серьёзные, непредвиденные и неизбежные события, которые обычно приводят к большому числу жертв и требуют значительных ресурсов для их ликвидации [1]. Массовые бедствия часто классифицируются как стихийные, случайные или криминальные события: к ним относятся пожары, взрывы, цунами, землетрясения, которые приводят к большому количеству сгоревших или разложившихся тел, которые трудно опознать [2]. В случаях, когда по имеющимся останкам, например по отпечаткам пальцев, не удаётся провести морфологический анализ, ключевую роль в идентификации личности может сыграть следственная или судебно-генетическая экспертиза ДНК [3]. Идентификация жертв массовых бедствий требует сравнения имеющихся предсмертных данных с результатами посмертных исследований. В случаях, когда предсмертные данные недоступны, единственным надёжным способом идентификации личности становится экспертиза ДНК [4]. Зубы — богатый источник ДНК с качественными характеристиками, что позволяет использовать их во всех судебно-медицинских исследованиях [5]. Это важно не только для родственников погибших, но и для соблюдения требований законодательства [6].

ДНК пульпы зубов помогает в первичной идентификации погибших и служит в качестве вспомогательного контрольного образца для сопоставления с другими фрагментами тканей. ДНК из образцов зубов может использоваться для определения возраста, группы крови и пола [7]. Зубы, располагаясь в местах, наиболее защищённых мышцами и костями, являются самой прочной структурой в организме и могут выдерживать экстремальное физическое и химическое воздействие. Кроме того, это отличный источник ДНК, поскольку риск загрязнения зубов минимален [8–10].

Поскольку зубы устойчивы к высушиванию, воздействию огня и разложению, зубные останки, такие как пломбы, и их анатомические характеристики используются для идентификации личности погибших. Анализ ДНК зубов — это экономически выгодная и надёжная процедура, которая не разрушает материал в случае ожогов или тяжёлых травм [11]. Стандартная процедура опознания человека — это сравнение предсмертных и посмертных данных. ДНК-дактилоскопия, появившаяся в 1985 году, также зарекомендовала себя в идентификации личности с положительной стороны [12, 13]. ДНК — это фундаментальный генетический материал, который составляет большую часть генома человека и содержит все данные, необходимые для создания, организации и сохранения жизни во всех её формах. ДНК по химическому составу имеет двухцепочечную структуру. ДНК — это полимерная цепь, состоящая из последовательно расположенных нуклеотидов. Две такие цепи ДНК соединяются нековалентными связями, образуя двойную спираль. Молекулы

ДНК имеют структурные компоненты, называемые нуклеозидами, которые состоят из азотистого основания, моносахаридного остатка и скелета. Генетическая информация передаётся через четыре азотистых основания — аденин (А), цитозин (С), гуанин (G) и тимин (Т) [14].

Поскольку ДНК у каждого человека уникальна, она является важнейшим компонентом человеческого организма. Изменения в генах и эпигеноме потенциально могут использоваться в качестве индикаторов для диагностики и прогноза различных заболеваний. Например, G. Mansueto и соавт. [15] показали, что циркулирующая митохондриальная ДНК выступает предиктором плохого прогноза у пациентов с сердечной недостаточностью, а повышенное количество бесклеточной ДНК указывает на степень повреждения клеток. ДНК как одно из самых стабильных природных веществ может использоваться для идентификации личности. При этом ДНК достаточно устойчива, чтобы храниться в течение миллионов лет, не утратив своей структуры. Эти характеристики делают ДНК ценным аналитическим инструментом в судебно-медицинской экспертизе [16, 17].

Существуют два различных вида ДНК — митохондриальная ДНК и геномная ДНК, которая находится в ядре клетки. Чаще всего извлекают геномную ДНК. В случаях, когда образцы геномной ДНК некачественны или испорчены, анализу подвергается митохондриальная ДНК. Кроме того, ДНК подразделяется на неавтосомную (геномную), которая содержится в сперматозоидах и яйцеклетках, и аутосомную, которая находится в аутосомных клетках [18].

Судебно-медицинская стоматология, известная также как судебная одонтология, является отраслью стоматологии, которая занимается надлежащим применением, анализом, оценкой и представлением доказательной базы в уголовных и гражданских делах [19]. Методы, используемые в судебной одонтологии для идентификации личности, включают изучение стоматологических данных, проведение антропологической экспертизы, изучение реставраций, протезов, рентгенограмм, следов укусов, внутриворотных фотографий, результатов хейлоскопии и ругоскопии. Защищённая среда ротовой полости делает пульпу зуба наиболее надёжным источником ДНК для идентификации личности. Помимо раскрытия конкретных дел, судебные одонтологи могут идентифицировать тела в медицинских учреждениях [20]. Согласно исследованиям, ДНК-экспертиза является одним из наиболее практичных и доступных научных методов идентификации жертв массовых бедствий.

В данной работе представлен полный обзор истории развития судебной одонтологии, её методов и областей применения. В статье подчёркивается также важность фиксации точных стоматологических данных и их предоставления правоохранительным органам для поиска пропавших без вести людей и опознания жертв массовых бедствий.

Цель работы — расширить базу знаний для будущих исследований в области судебной одонтологии посредством систематического обзора публикаций, связанных с судебно-медицинской экспертизой ДНК для идентификации жертв массовых бедствий.

МАТЕРИАЛЫ И МЕТОДЫ

Данный систематический обзор проводился в соответствии с руководством по методологии проведения систематических обзоров [21] и рекомендациями PRISMA [22]. Регистрационный номер от 2024 года CRD42024522628 указан на сайте PROSPERO Международного проспективного реестра систематических обзоров Центра по подготовке и распространению обзоров при Йоркском университете.

Поиск осуществлялся по шести электронным базам данных: Google Scholar (до 15 февраля 2024 года), PubMed, Scopus, Web of Science (до 27 января 2024 года), Embase (до 25 февраля 2024 года), ScienceDirect (до 13 февраля 2024 года).

Работа с базой данных

Поиск проводился по следующим ключевым словам: «судебно-медицинская экспертиза ДНК», «ДНК», «ОНП», «митохондриальная ДНК», «матричная ДНК», «аутосомная ДНК», «профилирование ДНК», «дезоксирибонуклеиновая кислота», «ДНК-профили», «ДНК-типирование», «генетическое профилирование», «ДНК пульпы зуба», «идентификация по ДНК», «генетическая идентификация», «ДНК-дактилоскопия», «митохондриальная ДНК», «митохондриальный геном», «митохондриальная ДНК человека», «митохондриальная ДНК человека», «метилирование ДНК», «ядерная ДНК», «количественное определение ДНК», «ДНК-анализ», «геномная ДНК», «амплификация ДНК», «судебно-медицинский ДНК-анализ», «технология проведения судебно-медицинской экспертизы ДНК», «судебно-медицинское профилирование ДНК», «результаты экспертизы ДНК», «ДНК-тест», «полиморфизмы», «судебная генетика», «генетика», «генеалогия», «ген», «гены», «GWAS», «наследственный», «врождённый», «унаследованный», «наследуемый», «молекулярная генетика», «генетика человека», «генетические исследования», «проект «Геном человека»», «молекулярная генетика человека», «исследования геномных ассоциаций», «судебно-медицинский», «массовые бедствия», «судебная стоматология», «судебная одонтология», «судебно-правовая экспертиза», «судебная медицина», «судебная биология», «судебная химия», «судебная серология», «медицинская юриспруденция», «судебная антропология», «стоматологические исследования», «зубная антропология». В зависимости от базы данных использовались множественные формы поисковых терминов, включая кавычки.

Критериями включения были следующие: рецензируемые статьи, опубликованные на английском, французском, испанском и китайском языках, в которых сообщалось об опознании жертв массовых бедствий.

Для отбора статей использовалась стратегия PICO: P — пациент любого возраста и пола; I — вмешательство (идентификация личности по результатам судебно-медицинской экспертизы); C — контроль (неприменимо); O — исход (идентификация личности методами судебной одонтологии). Кроме того, анализу были подвергнуты поперечные исследования, исследования типа «случай-контроль», клинические случаи, систематические обзоры и метаанализы за период с 1964 по 2024 год. Дубликаты статей были исключены из анализа.

Все применяемые стратегии были изучены, а проанализированные данные представлены в виде текста с разбивкой по генам. Полученные данные представлены в табл. 1 [24–39] с учётом наличия или отсутствия связи между судебно-медицинской экспертизой ДНК, судебной генетикой и её применением в судебной одонтологии.

Отбор и проверку всех записей, найденных в электронных базах данных, проводили с помощью онлайн-приложения Rayyan (Intelligent Systematic Review). Два независимых рецензента (LTRM и CENE) оценивали соответствие названий, аннотаций и полнотекстовых публикаций вышеуказанным критериям включения после удаления дубликатов. В наш обзор были включены 4808 работ на английском, французском, испанском и китайском языках, а также исследования с участием людей, в которых рассматривались различные методы судебной одонтологии, применяемые для идентификации жертв массовых бедствий. Кроме того, мы изучили связь между судебно-медицинской экспертизой ДНК и её значением для судебной одонтологии, а также связь с судебной генетикой и ДНК-дактилоскопией. Из данного систематического обзора были исключены исследования, в которых не проводилась оценка или количественное определение ДНК по образцам зубов, а также исследования, в которых использовались образцы, взятые из других источников. Из исследования также были исключены редакционные статьи, письма в редакцию и обзорные статьи. Критерии исключения статей строго фиксировались. В случае возникновения разногласий между двумя рецензентами к процессу отбора привлекался третий рецензент (MdLSDA). При необходимости получения дополнительной информации группа рецензентов связывалась напрямую с авторами.

Синтез данных

Вся необходимая информация из соответствующих публикаций извлекалась двумя независимыми рецензентами, затем заносилась в электронную таблицу Excel, после чего в краткой форме излагалась в описательной и табличной форме. Извлечённые данные включали сведения об авторах и год публикации; год, тип и подтип массовых бедствий; размер исследования; страну, штат; общее количество жертв, общее количество идентифицированных жертв, общее количество жертв, идентифицированных с использованием методов судебной одонтологии

Таблица 1. Результаты систематического обзора
Table 1. Results of the systematic review

Авторы	Год	Массовое бедствие	Страна	Общее число жертв	Число идентифицированных жертв, %	Использование ДНК пульпы зубов	Методология идентификации
Hsu и соавт. [24]	1999	Несчастный случай	Тайвань	202	Все	Да	ДНК-анализ
Nambiar и соавт. [25]	1997	Несчастный случай	Малайзия	34	Все	Да	ДНК-анализ
Vux и соавт. [26]	2006	Несчастный случай	Непал	18	14; 77,77%	-	Дактилоскопия + ДНК
Tap и соавт. [27]	2007	Несчастный случай	Индонезия	104	6; 5,7%	-	Дактилоскопия + ДНК
Schuller-Götzburg и соавт. [28]	2007	Стихийное бедствие	Таиланд	4280	2679; 62,59%	Да	Дактилоскопия + ДНК
Prieto и соавт. [29]	2007	Криминальный характер	Испания	191	Все	-	Дактилоскопия + ДНК
Bush и Miller [30]	2011	Несчастный случай	США	50	Все	-	Дактилоскопия + ДНК
Hinchliffe [31]	2011	Несчастный случай	Австралия	173	172; 99,42%	-	Дактилоскопия + ДНК
Trengrove и соавт. [32]	2011	Стихийное бедствие	Новая Зеландия	181	177; 97,79%	Да	Дактилоскопия + ДНК
Manhart и соавт. [33]	2012	Несчастный случай	Германия	8	Все	-	ДНК-анализ
Barberia и соавт. [34]	2015	Несчастный случай	Испания	12	Все	-	Дактилоскопия + ДНК
Obafunwa и соавт. [35]	2015	Несчастный случай	Нигерия	152	148; 97,36%	-	ДНК-анализ
Iino и соавт. [36]	2015	Стихийное бедствие	Япония	15892	15 736; 99,01%	-	Дактилоскопия + ДНК
De Voeg и соавт. [37]	2018	Несчастный случай	Украина	298	297; 98,2%	Да	ДНК-анализ
Marrone и соавт. [38]	2021	Криминальный характер	Италия	10	9; 90%	Да	ДНК-анализ
Dahal и соавт. [39]	2022	Стихийное бедствие	Непал	400	365; 91,25%	Да	ДНК-анализ

или в сочетании с другими методами, а также подробную информацию о других методах идентификации. Разногласия между рецензентами разрешались путём обсуждения, консенсуса достигали с привлечением третьей стороны.

Авторы, занимающиеся извлечением данных (LTRM и CENE), оценивали качество исследования, и ещё как минимум один соавтор подтверждал их результаты. Оценка качества исследований проводилась согласно рекомендациям Национального института здравоохранения по оценке наблюдательных когортных и поперечных исследований [23]. Перечисленные ранее компоненты извлечения данных учитывались при оценке качества статей. Каждая статья, которая была включена в исследование, оценивалась как работа хорошего, удовлетворительного или плохого качества на основании этих критериев.

РЕЗУЛЬТАТЫ

Поиск литературы

Первоначальный поиск в шести базах данных дал следующие результаты: 4808 записей в PubMed, 18 — в Web of Science, 387 — в Scopus, 92 — в Embase, 1998 — в ScienceDirect, 716 — в Google Scholar. Из них было удалено 138 дублирующихся записей. Из оставшихся 45 статей было удалено 4757 нерелевантных цитат после анализа названий и аннотаций. Ещё 29 статей, не отвечающих требованиям, были удалены после всесторонней оценки на основе критериев включения и исключения. В итоге в обзор были включены 16 статей [24–39], при этом только 7 из них представляли собой оригинальные исследования. Процесс отбора показан на рис. 1.



Рис. 1. Блок-схема PRISMA.

Fig. 1. Block diagram of PRISMA.

Отбор статей

Первоначальный поиск по базе данных выявил 4808 статей (см. рис. 1), из них в 10 сообщалось о связи между судебно-медицинской экспертизой ДНК в одонтологии и опознанием жертв массовых бедствий. Эти статьи соответствовали критериям включения PICOS (участники, вмешательства, компараторы, исходы, дизайн исследования).

Из исследования были исключены работы, в которых не проводилась оценка или количественное определение молекул ДНК, выделенных из образцов зубов людей или жертв массовых бедствий, а также такие типы исследований, как редакционные статьи, письма в редакцию, обзорные статьи.

ХАРАКТЕРИСТИКА РАБОТ, ВКЛЮЧЁННЫХ В ИССЛЕДОВАНИЕ

Все отобранные статьи были опубликованы в период с 1964 по 2024 год. Большинство из них (81%) представляли собой поперечные, когортные, обзорные исследования или исследования типа «случай-контроль». В табл. 1 [24–39] представлены их общие характеристики.

Тип бедствия и географическое положение

Из 16 катастроф 10 (62,5%) носили случайный характер [24–27, 30, 31, 33–35, 37], 4 (25%) события являлись стихийным бедствием [28, 32, 36, 39] и 2 (12,5%) имели криминальный состав [29, 38]. Десять случайных массовых бедствий включали авиакатастрофы (8; 50%) [24–28, 30, 35, 37], происшествия в результате взрыва или сопровождающиеся взрывом (1; 6,25%) [38], железнодорожные катастрофы (1; 6,25%) [34] и автомобильные аварии

(1; 6,25%) [33]. Из 4 (100%) стихийных бедствий было два цунами (50%) [28, 36] и два землетрясения (50%) [32, 39]. Четыре (25%) массовых бедствия произошли в Европе (Италия [38], Украина [37], Германия [33], Испания [2, 29, 34]), 7 (43,75%) — в Азии (Тайвань [24], Малайзия [25], Непал [26, 39], Индонезия [27], Таиланд [28], Япония [36]), по одному событию (по 6,25%) зафиксировано в Австралии [31], США [30], Африке (Нигерия) [35] и Новой Зеландии [32].

Опознание жертв массовых бедствий методами судебной одонтологии

Наибольшим количеством жертв характеризовались цунами в Японии ($n=15\ 892$) [36] и Таиланде ($n=4280$) [28], авиакатастрофа в США ($n=3407$) [30], землетрясение в Непале ($n=400$) [39], авиакатастрофа на Украине ($n=298$) [37], теракт в Испании ($n=191$) [29], землетрясение в Новой Зеландии ($n=177$) [32], лесной пожар в Австралии в 2009 году ($n=172$) [31], авиакатастрофы на Тайване ($n=202$) [24] и в Малайзии ($n=34$) [25]. Наименьшее число жертв было зарегистрировано в автомобильной катастрофе в Германии ($n=8$) [33], железнодорожной катастрофе в Испании ($n=12$) [34] и авиакатастрофе в Непале ($n=18$) [26]. В общей сложности 22 001 жертва была зарегистрирована в 16 массовых бедствиях, из которых 20 096 жертв (91,34%) были опознаны. Все жертвы (100%) были опознаны после теракта в Испании [29], авиакатастрофы в Ньюарке [30], железнодорожной катастрофы в Испании [34], авиакатастрофы в Малайзии [25] и на Тайване [24], автомобильной катастрофы в Германии [33]. Наибольшее число жертв было выявлено в результате цунами в Таиланде (2679; 62,59%) [28], авиакатастрофы самолёта МН17 в 2014 году на Украине (298; 98,2%) [37], лесного пожара в Австралии

в 2009 году (172; 99,42%) [31], цунами в Японии (15 736; 99,01%) [36], землетрясений в Непале [365; 91,25%) [39] и Новой Зеландии (177; 97,79%) [32], авиакатастроф в Нигерии (148; 97,36%) [35], Индонезии (6; 5,7%) [35] и Непале (14; 77,77%) [26], а также в результате взрыва на заводе пиротехники в Италии (9; 90%) [38].

Опознание жертв по результатам судебно-медицинской экспертизы ДНК

Из 22 005 жертв было опознано 20 100 (91,34%) человек с использованием методов судебной экспертизы. В 16 исследовательских работах, отобранных для данного обзора (100%), жертвы были опознаны как погибшие в результате массовых бедствий по результатам судебно-медицинской экспертизы ДНК, из них в 7 (43,75%) работах погибших опознавали по ДНК пульпы зубов. Более подробная информация представлена в табл. 1. ДНК зубов не использовалась для идентификации жертв двух массовых бедствий случайного характера (автокатастрофа в Германии [33] и железнодорожная катастрофа в Испании [34]), одного массового бедствия криминального характера (теракт в Испании [29]), авиакатастроф в Непале [26], Индонезии [35] и Ньюарке [30], лесного пожара в Австралии в 2009 году [31], авиакатастрофы в Нигерии [35] и цунами в Японии [36]. В других работах по судебной одонтологии жертв опознавали по ДНК пульпы зубов. В 7 исследованиях [24, 25, 28, 32, 37–39] жертвы были идентифицированы по результатам анализа ДНК зубов в сочетании с другими методами.

РОЛЬ ДНК В СУДЕБНО-МЕДИЦИНСКИХ ИССЛЕДОВАНИЯХ

ДНК играет важнейшую роль в судебно-медицинских исследованиях благодаря своим уникальным характеристикам, которые делают её бесценным инструментом для идентификации личности, раскрытия преступлений и оправдания невиновных [5]. Аналогичным образом ДНК-анализ стал незаменимым инструментом в судебно-медицинских исследованиях, позволяющим получить ценные сведения для расследования уголовных дел, идентификации личности погибших и вершения правосудия. Надёжность, точность и способность предоставлять уникальную генетическую информацию делают ДНК краеугольным камнем современной криминалистики [5].

Любой вид организмов можно идентифицировать, изучив последовательности ДНК, характерные только для этого вида. Каждая клетка индивидуума несёт в себе копию ДНК. Порядок пар оснований (п.н.) в ДНК каждого индивидуума отличается, за исключением однояйцевых близнецов. Уникальность обусловлена наличием интронных областей ДНК, содержащих последовательности длиной 20–100 п.н., которые повторяются в разных местах (локусах) вдоль хромосомы, например AGACTAGACATT-AGATTAGGCATT, что называется полиморфизмом последовательностей

ДНК. При идентификации личности в судебной медицине оценивают полиморфизм длины фрагментов ДНК. К примеру, (-AATG) (AATG) (AATG) (три повтора) и (AATG) (AATG) (два повтора) называются короткими тандемными повторами (short tandem repeat, STR) [40, 41]. Ниже перечислены несколько ключевых областей судебной медицины, где используются результаты ДНК-анализа.

Идентификация личности

ДНК-профилирование позволяет криминалистам создавать уникальные генетические профили людей на основе вариаций в последовательностях ДНК. Это позволяет идентифицировать подозреваемых, жертв и неизвестных лиц, вовлечённых в уголовные расследования или пострадавших в результате массовых бедствий [5].

Анализ места совершения преступления

Для установления связи между подозреваемыми, жертвами и местом преступления изучаются фрагменты ДНК, собранные из биологических образцов на месте преступления, таких как кровь, сперма, слюна или волосы. Результаты экспертизы ДНК могут предоставить важнейшую информацию о личности преступника, способе совершения преступления и хронологии событий [42].

Оправдание невиновных

Анализ ДНК позволил оправдать многих людей, несправедливо осуждённых за преступления, которых они не совершали. Сравнивая ДНК-профили, полученные из улики, взятой на месте преступления, с образцами ДНК осуждённых или подозреваемых, учёные-криминалисты могут точно определить их невиновность или вину [43].

Расследование нераскрытых дел

Технология секвенирования ДНК произвела революцию в раскрытии преступлений прошлых лет, расследование которых зашло в тупик, позволив судебным экспертам повторно изучить улики с помощью передовых методов ДНК-профилирования. Это позволило завершить многие нераскрытые дела и тем самым помочь потерпевшим и членам их семей [44].

Опознание пропавших без вести

ДНК-анализ используется для идентификации пропавших без вести людей путём сравнения ДНК-профилей неопознанных человеческих останков с образцами ДНК, полученными от их родственников или из справочных баз данных. Эта технология способствует воссоединению семей, помогает найти близких и способствует успешному ведению уголовных дел [45].

Идентификация жертв стихийных бедствий

При стихийных бедствиях, авариях или событиях, приведших к массовой гибели людей, когда традиционные методы опознания личности, такие как визуальная идентификация,

невозможны, используется ДНК-профилирование. Для установления личности погибшего образцы ДНК, полученные из его личных вещей или биологических тканей, сравниваются с эталонными образцами [46].

Генетическая генеалогия

Методы ДНК-анализа всё чаще используются в генетической генеалогии для отслеживания семейных родословных и выявления родственников неизвестных лиц. Этот подход сыграл важную роль в расследовании нераскрытых дел и выявлении преступников по их родственным связям [47].

Судебно-медицинская экспертиза ДНК

В области судебной медицины экспертиза ДНК подразумевает идентификацию и сравнение образцов ДНК как для юридических, так и следственных целей. Существует несколько методов для извлечения, амплификации и анализа молекул ДНК, собранных у подследственных или на месте преступления из биологического материала [5, 48]. Судебно-медицинская экспертиза ДНК изменила процедуру расследования уголовных дел и правовую систему в целом, предоставив мощный инструмент для поиска подозреваемых, установления связи между преступниками и правонарушениями, оправдания невиновных и закрытия нераскрытых дел. Однако учёные-криминалисты должны строго придерживаться определённых процедур, мер по контролю качества и этических стандартов, что позволит обеспечить точность и достоверность результатов экспертизы ДНК, представляемых в суде [5, 48].

ДНК извлекаются из биологических образцов, которые в свою очередь берутся с места преступлений у жертв, подозреваемых и других соответствующих лиц. Кровь, сперма, слюна, волосные фолликулы, клетки кожи и жидкости организма являются распространённым источником фрагментов ДНК [39]. Для извлечения ДНК из собранных образцов используются специализированные лабораторные методы. Этот процесс обычно включает в себя расщепление клеток для высвобождения ДНК, а затем очистку полученной смеси, чтобы избавиться от белков, жиров и других примесей [49, 50].

По количеству молекул ДНК, выделенных из образца, определяется их концентрация. Этот шаг позволяет получить достаточный объём генетического материала для последующего анализа и оптимизировать процесс амплификации [51].

Амплификация ДНК

Для амплификации определённых участков ДНК используется полимеразная цепная реакция (ПЦР). Метод полимеразной цепной реакции позволяет криминалистам создавать миллионы копий фрагментов ДНК, даже если исходный образец ничтожно мал. Этот этап крайне важен для получения достаточного количества образцов ДНК с целью последующего анализа [50].

Амплифицированные фрагменты ДНК могут быть исследованы с помощью различных методов, после чего составляется профиль ДНК. STR-анализ — популярный метод, позволяющий изучить определённые сегменты ДНК, называемые микросателлитами. Каждый человек имеет разное количество повторов в каждом микросателлитном локусе, что делает возможным создание отдельного генетического профиля [52].

Информация

ДНК-профиль, полученный из образца с места преступления, сопоставляется с профилями известных лиц, включая жертв и подозреваемых. Значимость любых совпадений или сходств между профилями оценивается с помощью статистических методов [53].

Судебные эксперты фиксируют полученные результаты в отчётах, где подробно описываются результаты ДНК-анализа. Судебные эксперты могут быть привлечены к даче показаний в суде в качестве свидетелей-экспертов для обоснования применяемых методов и значения результатов экспертизы ДНК в расследуемом деле [54].

ДНК-дактилоскопия

ДНК-дактилоскопия, известная также как геномная дактилоскопия, ДНК-типирование или ДНК-профилирование, — это метод определения и изучения отличительных генетических признаков каждого человека, основанный на изучении чрезвычайно изменчивых участков ДНК, что позволяет создать его генетический профиль [52, 55]. ДНК-дактилоскопия стала ключевым компонентом криминалистики, поскольку предлагает невероятно точные и надёжные методы идентификации людей, установления их связи с местом преступления и раскрытия уголовных дел. ДНК-дактилоскопия применяется также в некриминалистических областях, таких как установление родства, отцовства и охрана дикой природы [52, 55].

Согласно основополагающей идее ДНК-дактилоскопии, каждый человек (за исключением однойцевых близнецов) имеет уникальный ДНК-профиль. Источником этой уникальности являются вариации в определённых геномных областях, такие как переменное число tandemных повторов (VNTR) или STR, которые демонстрируют значительную межиндивидуальную изменчивость [56]. Кровь, слюна, сперма, корни волос, ткани и другие биологические образцы, содержащие молекулы ДНК, берутся с мест преступлений, у подозреваемых, жертв и других людей, которые могут представлять интерес. Качество и количество ДНК в образце — важнейшее условие успешного ДНК-профилирования [49]. Для выделения ДНК из полученных образцов используются различные методы экстракции, которые обычно включают растворение клеточных мембран, изоляцию ДНК от других биологических компонентов и очистку извлечённой ДНК для устранения примесей [49, 50].

Судебно-медицинское ДНК-профилирование

В судебно-медицинских исследованиях для идентификации личности по характерным ДНК-профилям используется метод, известный как ДНК-профилирование, также называемый ДНК-дактилоскопией или ДНК-типированием. Этот метод основан на предположении, что последовательность ДНК каждого человека уникальна, за исключением однояйцевых близнецов, имеющих одинаковый генотип [57, 58]. Таким образом, судебно-медицинское ДНК-профилирование является эффективным инструментом в уголовных расследованиях, который помог раскрыть бесчисленное количество дел, установив связь между подозреваемыми и местом совершения преступлений или оправдав лиц, ложно обвинённых в преступлениях. Это широко признанный и надёжный научный метод идентификации людей по их генетической информации [57, 58].

Одним из первых методов судебно-медицинского ДНК-профилирования был анализ полиморфизма длины рестрикционных фрагментов [8, 59]. С помощью фермента эндонуклеазы рестрикции вырезаются определённые участки вдоль последовательности ДНК. После разделения с помощью электрофореза в агарозном геле полученные фрагменты ДНК, близкие по размеру, переносят на предметное стекло из нитроцеллюлозы, гибридизуют локус-специфичными зондами (радиоактивными или хемилюминесцентными) и затем визуализируют в виде полос посредством автордиографии или хемилюминесценции. На сегодняшний день полиморфизм длины рестрикционных фрагментов редко используется в судебной медицине, поскольку для этого требуется большое количество ДНК. С помощью полимеразной цепной реакции можно исследовать определённые участки ДНК, называемые генетическими маркерами, или локусами. Обычно они состоят из однонуклеотидных полиморфизмов (SNP). ПЦР-амплификация позволяет получить достаточное количество фрагментов ДНК для дальнейшего исследования [8, 59].

Ядерный геном человека

Ядерный геном — это полный набор генетической информации, хранящейся в ядре клетки человека. Он состоит из молекул ДНК, которые формируют хромосомы. У человека обычно 46 хромосом, организованных в 23 пары, из них 22 пары аутомосом и одна пара половых хромосом (XX у женщин и XY у мужчин) [60–62]. Геном человека был впервые секвенирован в начале 2000-х годов в рамках проекта «Геном человека», совместной работы учёных со всего мира. С тех пор достижения в области секвенирования ДНК позволили ускорить и сделать более рентабельным секвенирование отдельных геномов, что привело к значительному прогрессу в понимании генетических вариаций человека и их последствий для здоровья и лечения заболеваний [61, 62].

VNTR

VNTR (variable number tandem repeats) — это участки генома человека, в которых тандемно повторяется короткая последовательность ДНК, обычно длиной 10–60 п.н. Такого рода повторы встречаются в определённом локусе — хромосомном участке. Термин «переменное число» означает, что количество повторов в определённом локусе может значительно варьировать в пределах одной популяции [63–65]. VNTR являются важным генетическим маркером благодаря своей полиморфной природе и широкому распространению в геноме человека. Их вариабельность представляет собой мощный инструмент для генетического анализа, позволяющий идентифицировать людей и изучать генетическое разнообразие в популяциях [63–65]. Кроме того, полиморфизм VNTR-локусов очень значителен, т.е. количество повторов у разных людей существенно различается. VNTR представляет особую ценность для ДНК-профилирования и судебной экспертизы, поскольку VNTR-профиль каждого человека уникален, за исключением однояйцевых близнецов [66]. VNTR наследуется менделевским способом, т.е. передаются от родителей к потомству. Количество повторов в VNTR-локусе ДНК человека определяется комбинацией аллелей, унаследованных от родителей [67].

Полиморфизм длины рестрикционных фрагментов

Это один из самых ранних методов работы с ДНК, однако сейчас он в значительной степени устарел. В этом случае используется уникальный тип фермента рестрикции, называемый «эндонуклеаза рестрикции», который разрезает ДНК внутри определённой последовательности, известной как сайт распознавания рестрикционной эндонуклеазы. Полиморфизм длины рестрикционных фрагментов используется для анализа фрагментов ДНК различной длины, которые получаются в результате переваривания образца ДНК.

Применение полиморфизма длины рестрикционных фрагментов стало менее распространённым в связи с появлением более эффективных и современных методов ДНК-анализа. Это связано с тем, что полиморфизм длины рестрикционных фрагментов требует сравнительно большего количества молекул ДНК, не может применяться на испорченных образцах из-за условий окружающей среды и требует больше времени для получения результатов [68–70].

Полиморфизм длины рестрикционных фрагментов — это метод молекулярной биологии, используемый для анализа вариаций последовательностей ДНК у разных людей. Это один из самых ранних методов, разработанных для ДНК-профилирования и генетической дактилоскопии. Ранее полиморфизм длин рестрикционных фрагментов широко использовался в криминалистике и генетических исследованиях, пока его не вытеснили более совершенные методы на основе полимеразной цепной реакции (к примеру, STR-анализ). Эти методы более чувствительные и требуют меньше времени и меньшего количества ДНК [68–70].

Локус D1S80 (pTCT118)

Локус D1S80 генома человека, также известный как pTCT118, представляет собой VNTR-область, расположенную на хромосоме 1. Он состоит из 16 пар оснований, которые у разных людей повторяются с разной частотой [71, 72]. Поскольку ген D1S80 полиморфен, он широко используется в судебно-медицинской экспертизе ДНК, а также при установлении отцовства. Индивидуальные вариации в количестве повторов в этом локусе весьма заметны: аллели варьируют примерно от 9 до 48 и более повторов [71–73].

Полиморфизм генов

Межгенные области генома человека включают полиморфные участки — повторяющиеся последовательности с высокой степенью вариативности. Это явление называют «полиморфизмом длины», или «полиморфизмом последовательностей». Для этих участков характерен полиморфизм ДНК, что может быть использовано в генетическом картировании и судебно-медицинских исследованиях. В ДНК есть два типа повторяющихся последовательностей: тандемные повторы и диспергированные повторы, иногда называемые «случайными». Более того, существует два вида тандемных повторов: STR, часто называемые «микросателлитами», и VNTR, также называемые «минисателлитами» [74, 75]. Первичные повторы STR составляют от 2 до 6 п.н., VNTR — от 10 до 100 п.н. STR, как и VNTR, являются полезным инструментом для определения ДНК, но STR более распространены в геноме, чем VNTR, поэтому их легче охарактеризовать. Основой для генетической идентификации человека и определения его генетического профиля являются различия в локусах, которые представляют собой повторяющиеся последовательности ДНК. Полиморфизм длины фрагментов ДНК означает различия в количестве единиц тандемных повторов. Точечные мутации (SPR) — это изменения в одной паре оснований последовательности [74, 75].

Под полиморфизмом генов также понимается наличие нескольких генетических вариантов или аллелей в определённом локусе (месте) в генофонде популяции. Эти вариации могут проявляться различиями в последовательностях ДНК, уровнях экспрессии генов или структуре белков. Полиморфизм генов способствует генетическому разнообразию среди людей и популяций и играет важную роль в эволюции, адаптации и восприимчивости к заболеваниям [74–76]. Кроме того, полиморфизм генов представляет собой фундаментальный аспект генетической вариативности в популяциях и важен для понимания генетической основы признаков, болезней и динамики популяций. Изучение полиморфизма генов позволяет понять эволюцию человека, адаптацию и генетические факторы, лежащие в основе сложных биологических процессов [74–76].

Типы полиморфизмов генов

Существует несколько типов полиморфизмов генов, в том числе:

- SNP — отличия последовательности ДНК размером в один нуклеотид в геноме;
- вставки/делеции — изменения, связанные со вставкой или делецией нуклеотидных оснований, приводящие к различиям в длине последовательностей ДНК;
- STR — вариации в количестве повторяющихся последовательностей коротких нуклеотидных мотивов, также известные как микросателлиты;
- вариации числа копий — различия в количестве копий определённого сегмента ДНК размером от килобазы до мегабазы;
- VNTR — вариации в количестве повторяющихся последовательностей, однако с более длинными единицами повторов;
- полиморфизм экспрессии генов — вариации в уровнях экспрессии генов, обусловленные различиями в регуляторных последовательностях или эпигенетическими модификациями [77–82].

Возникновение и сохранение полиморфизма генов происходит благодаря различным механизмам, включая мутации, генетическую рекомбинацию, дупликацию генов и генетический дрейф. Полиморфизм поддерживается в популяциях благодаря таким факторам, как балансирующий отбор, преимущество гетерозиготных генотипов, частотно-зависимый отбор и генетический дрейф [83].

Полиморфизм генов вносит свой вклад в генетическое разнообразие внутри популяций и между ними. В разных популяциях могут наблюдаться различия в частоте аллелей, обусловленные такими факторами, как географическая изоляция, миграция и естественный отбор [84]. Предрасположенность к заболеваниям некоторых генов связана с повышенным или пониженным риском развития определённых болезней. Например, специфические варианты SNP в генах, участвующих в метаболизме, иммунитете или росте клеток, могут влиять на восприимчивость человека к таким заболеваниям, как рак, сердечно-сосудистые заболевания, диабет или аутоиммунные расстройства [85].

БИОТЕХНОЛОГИИ, ПРИМЕНЯЕМЫЕ В СУДЕБНО-МЕДИЦИНСКОЙ ЭКСПЕРТИЗЕ ДНК

Биотехнологии значительно усовершенствовали судебно-медицинскую экспертизу ДНК, позволяя идентифицировать и детально характеризовать полученные результаты из образцов, собранных на месте преступления, у жертв и подозреваемых. Эти технологии произвели революцию в судебной экспертизе, предоставив мощные инструменты для раскрытия преступлений, оправдания невиновных и обеспечения правосудия [86]. Кроме того, биотехнологии играют ключевую роль в судебно-

медицинской экспертизе ДНК, предлагая инновационные инструменты и методики для ДНК-анализа, идентификации личности и развития возможностей судебной медицины. Биотехнологии продолжают совершенствоваться, обеспечивая более высокую чувствительность, специфичность и эффективность экспертизы ДНК и способствуя восстановлению справедливости и установлению истины в уголовных расследованиях [86].

На сегодняшний день появились новые технологии, включая массивно-параллельное секвенирование ДНК, микрофлюидику, интегрированные системы быстрой полимеразной цепной реакции и полимеразной цепной реакции в реальном времени. Созданы также экспертные системы, помогающие обрабатывать данные, полученные с помощью этих сложных аналитических инструментов [59]. Технологическому развитию судебно-медицинской экспертизы ДНК в значительной степени способствовало изобретение метода полимеразной цепной реакции Кари Маллисом в 1986 году. ДНК-дактилоскопия, разработанная Алеком Джеффри в 1986 году, впервые была применена судебными следователями. В лабораторных условиях первым шагом в обработке улик является извлечение молекулы ДНК из биологического материала [87]. Преимущество ПЦР-анализа заключается в более высокой чувствительности и меньших затратах времени по сравнению с более ранними методами [88].

Полимеразная цепная реакция — это фундаментальная биотехнология, используемая для амплификации определённых участков ДНК, включая STR и другие генетические маркеры. ПЦР-амплификация позволяет криминалистам получать достаточное количество ДНК из небольших или повреждённых образцов, например, собранных с мест преступлений или древних останков [89].

Капиллярный электрофорез

Это метод расщепления и анализа фрагментов ДНК в зависимости от их размера и заряда. В судебно-медицинском экспертизе ДНК капиллярный электрофорез обычно используется для обнаружения и измерения длины амплифицированных фрагментов ДНК, например, полученных в результате ПЦР-амплификации аутосомных STR, или митохондриальной ДНК [90].

Секвенирование следующего поколения

Технологии секвенирования следующего поколения обеспечивают высокопроизводительное секвенирование ДНК, позволяя получить исчерпывающую генетическую информацию из образцов в ходе судебно-медицинской экспертизы. Секвенирование следующего поколения можно использовать для установления последовательности целых геномов, анализа митохондриальной ДНК, идентификации SNP и выявления генетических вариантов, связанных с генетическими признаками или заболеваниями. Секвенирование следующего поколения особенно полезно для анализа сложных смесей ДНК и повреждённых образцов [91].

Количественная полимеразная цепная реакция

Это чувствительный метод, используемый для определения количества ДНК в ходе судебной экспертизы. Количественная полимеразная цепная реакция позволяет точно измерить концентрацию целевых молекул ДНК, что помогает судебным экспертам точно оценить количество ДНК, выявить незначительное загрязнение ДНК и определить успешность процессов извлечения и амплификации ДНК [92].

Автоматизированные системы для извлечения ДНК

Эти системы упрощают процесс извлечения ДНК из собранных образцов, поскольку их обработка, очистка и выделение ДНК происходят в автоматическом режиме. Такие системы повышают эффективность рабочего процесса, снижают риски загрязнения и обеспечивают стабильный качественный выход ДНК из образцов различных типов [93].

Экспресс-анализ ДНК

Платформы для экспресс-анализа ДНК позволяют проводить ДНК-анализ на месте и практически в режиме реального времени, способствуя быстрой идентификации личности в правоохранительных органах, при ликвидации последствий стихийных бедствий и охране государственных границ. Эти портативные системы автоматизируют обработку образцов, амплификацию ДНК и анализ, предоставляя ДНК-профили в течение нескольких часов без необходимости использования специализированного лабораторного оборудования [94].

БАЗЫ ДАННЫХ ДНК ДЛЯ СУДЕБНО-МЕДИЦИНСКОЙ ЭКСПЕРТИЗЫ

В базах данных ДНК хранятся ДНК-профили, полученные от осуждённых преступников, с мест преступлений и неопознанных останков. Для заполнения и поиска информации в этих базах данных, сопоставления ДНК-профилей с известными лицами или другими местами преступлений, а также для проведения уголовных расследований и судебных разбирательств применяются различные биотехнологии [95].

Газовая хроматография-масс-спектрометрия

Этот метод широко используется в таких областях, как судебная медицина, в том числе благодаря высокой чувствительности, селективности и способности анализировать сложные смеси. Является незаменимым инструментом для химиков и исследователей при определении характеристик и количественной оценки органических соединений в различных образцах [96].

Газовая хроматография и инфракрасная спектроскопия

Этот аналитический метод сочетает в себе разделительную способность газовой хроматографии с идентификационными возможностями инфракрасной спектроскопии, позволяя одновременно разделять и идентифицировать компоненты сложной смеси [97].

Технология «лаборатории-на-чипе»

Речь идёт о миниатюризации и интеграции лабораторных функций на одном чипе или устройстве, размер которого обычно составляет от нескольких миллиметров до нескольких сантиметров. Такие «чипы» могут выполнять задачи, для которых традиционно требовались целые лаборатории, что позволяет сократить объёмы проб и реагентов, ускорить время проведения анализа, обеспечить портативность и потенциальную экономию средств [98, 99].

Широкому распространению этой технологии препятствует ряд проблем, включая необходимость стандартизации, интеграцию множества функций на одном чипе, масштабируемость для массового производства и совместимость с существующими приборами и рабочими процессами. Однако постоянный прогресс в области микрообработки, сенсорных технологий и биоинформатики позволяет преодолевать эти препятствия, прокладывая путь к созданию всё более сложных и универсальных приложений по типу «лаборатория-на-чипе» [98, 99].

Аутосомный STR-профиль

Аутосомный STR-профиль, часто называемый просто ДНК-профилем, — это генетический отпечаток пальца, полученный в результате анализа определённых участков аутосомной ДНК в геноме человека. Аутосомная ДНК содержится в хромосомах, отличных от половых хромосом (X и Y). STR — это повторяющиеся последовательности ДНК, длина которых варьирует у разных людей [100, 101]. Аналогичным образом аутосомное STR-профилирование является мощным инструментом в судебной генетике, обеспечивая надёжные и достоверные методы идентификации личности на основе ДНК-анализа, которые произвели революцию в уголовных расследованиях и судебно-медицинской практике [100, 101].

От 5 до 10% генома человека составляют повторяющиеся последовательности. Участок ДНК, известный как STR, содержит множество tandemных повторов. Последовательность ДНК в STR составляет от 2 до 6 п.н., а всего в геноме человека насчитывается более 105 STR [102, 103]. Количество tandemных повторов в STR-локусе различается у разных людей, определяя генотип человека, по которому его можно идентифицировать. Для профилирования STR требуется минимальное количество ДНК (около 1 нг), которая присутствует на всех хромосомах, включая половые. Это количество в 50 раз меньше, чем требуется

для анализа полиморфизма длин рестриционных фрагментов. Для получения полного STR-профиля можно амплифицировать 1 нг образца ДНК с помощью полимеразной цепной реакции. Кроме того, ПЦР-амплификация нескольких STR-локусов может проводиться одновременно в одной и той же пробирке [104]. Этот метод известен как мультиплексная полимеразная цепная реакция, или мультиплексирование. Коммерчески доступные STR-маркеры часто используются в судебно-медицинском ДНК-профилировании. Так, в Федеральном бюро расследований (ФБР) США используется Единая система индексации ДНК (CODIS), включающая 13 лучших STR-маркеров. Согласно S.D. Malik и соавт. [104], STR-локус бывает трёх типов:

- 1) простые STR-локусы — повторяющиеся единицы с одинаковой длиной и последовательностью;
- 2) составной STR-локус состоит из двух или более соседних простых повторов;
- 3) сложный STR-локус имеет несколько повторяющихся блоков разной длины и переменные промежуточные последовательности.

После извлечения ДНК из образца для амплификации STR-локусов используются праймеры, меченные флуоресцентным красителем. После нескольких циклов полимеразной цепной реакции амплифицированные фрагменты сортируются, затем определяется картина расположения полос ДНК с помощью капиллярного электрофореза. Полученные данные генерируются компьютером и отображаются в виде пиков на электроферограмме. Каждый фрагмент ДНК, специфичный для данного красителя, обнаруживается детектором. Пик представляет собой каждый найденный фрагмент ДНК. Размеры каждого пика определяются с помощью аллельных «лестниц» по определённым критериям. Для определения правильного аллеля STR-локуса каждая аллельная «лестница» составляется соответствующим образом [104].

Генетические вариации аутосомных STR-профилей — это участки ДНК, где короткие последовательности нуклеотидов (обычно длиной от 2 до 7 п.н.) повторяются многократно. Количество повторов в каждом STR-профиле может варьировать у разных людей, что приводит к генетическому разнообразию в популяции [105]. Аутосомные STR-профили наследуются от обоих родителей, причём один аллель (вариант) исходит от матери, другой — от отца. В результате аутосомный STR-профиль человека отражает комбинацию аллелей, унаследованных от обоих родителей [106].

Профилирование аутосомных STR-локусов широко используется в судебной генетике для идентификации человека. В криминалистических ДНК-лабораториях одновременно анализируется несколько аутосомных STR-локусов методами ПЦР-амплификации и капиллярного электрофореза. Сравнивая длины амплифицированных фрагментов ДНК в разных STR-локусах, можно составить уникальный генетический профиль для каждого человека [100].

Вероятность случайного совпадения аутосомных STR-профилей у двух человек крайне мала, что обеспечивает их высокую эффективность в идентификации личности. Вероятность случайного совпадения зависит от количества анализируемых STR-локусов и частоты аллелей в популяции [107].

CODIS

CODIS — это система баз данных ДНК, находящаяся в ведении ФБР (США), которая используется в основном для судебно-медицинской идентификации, что позволяет правоохранительным органам хранить и изучать ДНК-профили подозреваемых, признанных виновными в совершении конкретных преступлений, а также улики, найденные на местах преступлений [108, 109]. Кроме того, важно помнить, что база CODIS доступна только уполномоченным сотрудникам правоохранительных органов, при этом распространение и использование данных ДНК контролируется строгими правилами, обеспечивающими право человека на неприкосновенность частной жизни. CODIS — это лишь один из инструментов судебной экспертизы, и его эффективность зависит от качества и объёма собранных образцов и точности методов анализа ДНК [108, 109].

CODIS была специально разработана для того, чтобы государственные судебно-медицинские ДНК-лаборатории могли превращать утверждённые ДНК-профили в базы данных с возможностью поиска. Благодаря программному обеспечению системы данные ДНК можно сравнивать и обмениваться ими с другими лабораториями в США. Кроме того, все данные ДНК-лабораторий пользователей хранятся в центральной базе данных. Вероятность того, что у двух людей будут идентичные ДНК-профили по всем 13 локусам, составляет примерно один шанс на миллиард. В число 13 локусов CODIS входят TH01, TPOX, CSF1PO, vWA, FGA, D3S1358, D5S818, D7S820, D13S317, D16S539, D8S1179, D18S51, D21S11. Тринадцать основных STR-локусов охватываются STR-мультиплексами, которые обычно содержат маркер полового типа — амелогенин. По состоянию на 2007 год в CODIS хранилось более 60 миллионов записей — и это самая большая база данных ДНК в мире [110–112].

SNP

SNP — изменения в одном нуклеотидном основании в определённом месте генома, которые относительно часто встречаются в популяции. Эти варианты, составляющие более 90% всего генетического разнообразия человека, являются наиболее распространёнными генетическими вариациями среди людей [74, 113]. SNP — это фундаментальные единицы генетической вариации, которые вносят вклад в разнообразие признаков и восприимчивость к заболеваниям в человеческих популяциях. Широкое распространение SNP по геному и связь с различными фенотипическими признаками делают их ценным объектом генетических исследований в различных областях,

включая медицину, криминалистику и эволюционную биологию [74, 113].

Изменения, которые происходят в одной последовательности оснований в определённой точке генома известны как однонуклеотидные полиморфизмы [102]. Это наиболее распространённая форма генетических вариаций у людей. Они могут возникать в результате замены, делеции или вставки оснований в одном месте и встречаются через каждые 100–300 оснований в нити ДНК. В геноме человека идентифицировано около 1,4 миллиона SNP, что позволяет использовать их в качестве маркеров для судебно-медицинской экспертизы. По сравнению с STR-профилями SNP имеют преимущества в судебной медицине, поскольку ПЦР-амплификация SNP-маркеров лучше справляется с повреждёнными образцами ДНК и поддаётся большему размножению, чем STR [104, 114]. Однако для достижения достаточной дискриминационной способности необходимо проанализировать большое количество SNP. Хотя SNP вряд ли смогут заменить STR-анализ, они могут стать полезным дополнительным инструментом в сложных судебно-медицинских ситуациях [115]. Вот некоторые ключевые моменты, касающиеся SNP.

«Ротовая полость — чёрный ящик организма» в судебно-медицинской экспертизе

Утверждение «ротовая полость — чёрный ящик организма» отражает концепцию, согласно которой ротовая полость содержит множество ценной информации, имеющей решающее значение для судебно-медицинской экспертизы, подобно чёрному ящику, содержащему жизненно важные данные в расследованиях. Это утверждение подчёркивает важность рассмотрения полости рта в качестве ценного источника доказательств в судебно-медицинских исследованиях. Признавая её значимость и применяя соответствующие методы сбора и анализа доказательств, криминалисты могут обнаружить важнейшую информацию, которая может способствовать раскрытию преступлений и установлению истины в ходе судебного разбирательства [116].

Поскольку информация из полости рта может быть использована для идентификации личности или предоставления деталей, необходимых для юридических процессов, судебная стоматология требует междисциплинарных компетенций. Кроме того, информация, полученная из ротовой полости, может быть использована для сужения параметров поиска человека и имеет решающее значение для идентификации жертв после масштабных трагедий [104, 117]. Ротовая полость — это богатый, неизвлекаемый источник ДНК, который может быть использован для идентификации личности и предоставления данных, необходимых для юридических процессов [104, 117].

Ротовая полость — сложная анатомическая область, состоящая из различных тканей, жидкостей и структур, которые позволяют получить представление о здоровье человека, его образе жизни и взаимодействии с окружающей

средой. Подобно «чёрному ящику», полость рта может содержать скрытую информацию, для обнаружения которой требуется тщательное изучение и анализ [118]. Она служит богатым источником доказательств, предоставляя разнообразные судебно-медицинские данные, включая слюну, буккальные мазки, зубные ткани и микробиоту полости рта, — ценные данные для идентификации человека, установления его связи с местом преступления и получения информации о его деятельности или поведении [118].

В судебно-медицинских исследованиях материал, взятый из ротовой полости, может быть использован для ДНК-профилирования, анализа слюны (например, для обнаружения наркотиков, идентификации биологических жидкостей), сравнения со стоматологическими данными, анализа следов укусов и оценки повреждений или травм ротовой полости. Ротовая полость также может содержать следы проглоченных или вдыхаемых веществ, что имеет значение для токсикологических исследований [119]. Исследование ротовой полости сопряжено с такими трудностями, как риск загрязнения, разрушение биологических материалов и необходимость применения специальных методов отбора проб. Однако прогресс в области криминалистики и передовых технологий расширил возможности извлечения и анализа материала из этой анатомической области, открыв новые возможности для проведения расследований и сбора доказательств [120].

Зубы — основной источник ДНК для судебно-медицинских исследований

Зубы действительно являются ценным источником ДНК для судебно-медицинских исследований, однако здесь важно отметить, что другие источники, такие как слюна, буккальные мазки и волосяные фолликулы, также играют важную роль, в зависимости от характера дела и имеющихся улик. Судебные эксперты используют различные методы и типы образцов, чтобы максимально увеличить шансы на получение жизнеспособных ДНК-профилей для идентификации личности и успешного расследования [121].

При проведении судебно-медицинских экспертиз для ДНК-анализа часто используют сперму, кровь и слюну. Однако в случае сильно разложившихся, скелетированных или обожжённых останков наибольшие шансы извлечь ДНК имеют зубы. При судебно-медицинском расследовании смерти ДНК извлекают либо из внешних частей тела/внутренних полостей (например, кровь, слюна, сперма, вагинальная жидкость и т.д.), либо из биологических материалов (жидкая кровь, кости, зубы, ногти и т.д.) [122]. Генетическая информация в изобилии содержится в ядродержащих клетках зубов и окружающих их периодонтальных связках. Чтобы извлечь ДНК после тщательного морфологического и рентгенологического исследования, зуб подвергается дроблению или секционированию на разных уровнях для идентификации личности и определения возраста соответственно [123]. Одним

из наиболее рекомендуемых методов извлечения ДНК из образца зуба является криогенная полировка, предполагающая секционирование зуба на стыке цемента и эмали, что обеспечивает консервативный подход к экстракции ДНК [124]. В качестве альтернативы можно измельчить весь зуб в мелкий порошок, что позволит получить достаточное количество ДНК для исследования [104]. Однако при проведении подобных исследований следует заблаговременно зафиксировать все морфологические характеристики и рентгенографические данные до того, как зуб будет полностью разрушен [125, 126].

Пульпа зуба — мягкая ткань, расположенная в пульпарной камере и каналах зубного корня. В пульпе в изобилии присутствуют клетки, содержащие ДНК, в основном одонтобласты, фибробласты и эндотелиальные клетки. Пульпа зуба — отличный источник для судебно-медицинского анализа ДНК, поскольку в ней обычно содержится большое количество качественной ДНК по сравнению с другими тканями [121]. Зубы часто обеспечивают отличную защиту от таких факторов окружающей среды, как тепло, влага и разрушение. Ткани зуба, включая дентин, эмаль и пульпу, чрезвычайно минерализованы и устойчивы к разрушению. Благодаря такой защите ДНК в зубах остаётся неповреждённой даже в суровых условиях кладбища или крупных катастроф [127–129].

Образцы зубов могут быть собраны с помощью малоинвазивных методов, таких как удаление одного зуба или небольших зубных фрагментов. Кроме того, доступ к пульпе зуба может быть получен при обработке корневых каналов или при посмертном осмотре зубов. Простота забора материала облегчает получение образцов ДНК как у живых людей, так и у человеческих останков [130, 131]. Стоматологические карты, включая карты зубного аппарата, рентгеновские снимки и фотографии, позволяют сравнивать предсмертные данные с посмертными характеристиками зубов. Судебные одонтологи могут использовать эту информацию для идентификации личности по признакам зубного аппарата и для забора образцов для последующего ДНК-анализа [132].

ДНК, извлечённая из зубных тканей, в частности из пульпы зуба, отличается стабильностью и долговечностью в течение длительного времени. Исследования показали, что ДНК может быть успешно извлечена из зубных образцов даже после нескольких лет или десятилетий хранения, что делает их ценным ресурсом для завершения нераскрытых дел и идентификации исторических останков [133].

АНАЛИЗ ЧУВСТВИТЕЛЬНОСТИ И ПРЕДВЗЯТОСТЬ ПУБЛИКАЦИЙ

В результаты нашей работы не были включены отношения шансов тех статей, которые не были связаны с судебно-медицинской экспертизой ДНК. Следовательно, мы включили эти исследования в наш обзор. Анализ

чувствительности подтвердил стабильность полученных результатов, показав, что при исключении отдельных наборов данных общее воздействие оставалось практически неизменным. Что касается риска предвзятости, ни одно из включённых исследований не предоставило адекватной информации о методологии статистического анализа, обосновании размера выборки или её структуры, а также о том, были ли отобранные образцы репрезентативны для популяции.

ОБСУЖДЕНИЕ

Среди трёх типов массовых бедствий (стихийные, криминальные и случайные) наибольшим количеством жертв чаще всего характеризуются стихийные бедствия [20]. В данный обзор включено три случайных массовых бедствия — авиакатастрофы на Тайване, в Малайзии и на Украине [24, 25, 37]. Среди стихийных бедствий мы упоминали три цунами в Таиланде [36], землетрясения в Новой Зеландии и Непале [32, 39], среди криминальных — взрыв на заводе по производству пиротехнических изделий в Италии [38]. Наибольшее число жертв было связано с цунами в Таиланде ($n=4280$) [36], Непале ($n=400$) [39] и землетрясением в Новой Зеландии ($n=181$) [32]. Жертвы в таких ситуациях могут быть разбросаны по большой территории, простирающейся на многие километры. Более того, жертвы, которые являются транзитными пассажирами, бездомными или туристами, представляют собой проблему для идентификации из-за отсутствия посмертных данных. Несмотря на это, в 16 исследовательских работах, отобранных для нашего обзора, было идентифицировано значительное количество жертв. Все жертвы (100%) были идентифицированы посредством судебно-медицинской экспертизы ДНК. Кроме того, в 7 (43,75%) научных работах сообщалось об использовании ДНК из пульпы зубов для идентификации жертв. Помимо этого, судебные одонтологи могут столкнуться с уникальными проблемами, связанными с разрушенной инфраструктурой, уничтожением посмертных данных в местных стоматологических клиниках и отсутствием каналов связи. Все эти факторы могут задерживать или препятствовать оперативной идентификации жертв, что нашло отражение в двух случайных бедствиях (автокатастрофа в Германии [33] и железнодорожная катастрофа в Испании [34]), в одном криминальном массовом бедствии (теракт в Испании [29]), авиакатастрофах в Непале [26], Индонезии [35], Ньюарке [30] и Нигерии [35], лесном пожаре в Австралии в 2009 году [31], цунами в Японии [36]. Здесь ДНК из образцов зубов не использовалась для идентификации жертв, но применялась, к примеру, при использовании методов судебной генетики.

Случайные бедствия имеют короткую продолжительность и обычно связаны с близкородственными популяциями. В настоящем систематическом обзоре из 7 бедствий 3 носили случайных характер

(авиакатастрофы — 42,85% [24, 25, 37]), одно событие имело криминальный характер (взрыв на заводе пиротехники в Италии — $n=14$, 28% [38]) и 3 — стихийный (42,85%) [32, 36, 39]. С меньшим количеством жертв были связаны авиакатастрофа в Малайзии ($n=34$) [25] и взрыв на заводе пиротехники в Италии ($n=10$) [38]. Однако большее количество жертв, идентифицированных по ДНК из образцов зубов, приходится, к примеру, на такие бедствия, как цунами в Таиланде ($n=4280$) [36], авиакатастрофы на Тайване ($n=202$) [24] и Украине ($n=298$) [37], землетрясения в Новой Зеландии ($n=181$) [32] и Непале ($n=400$) [39]. В таких случаях поиск предсмертных данных упрощается, поскольку в распоряжении судебно-медицинских экспертов имеется список пассажиров. Повышенный процент идентификации жертв таких массовых бедствий можно объяснить доступом к предсмертным данным по каждому погибшему. Все жертвы были опознаны после авиакатастрофы на Тайване [24] и в Малайзии [25]. Кроме того, наибольшее количество жертв было опознано после цунами в Таиланде (2679; 62,59%) [28], авиакатастрофы МН17 в 2014 году на Украине (298; 98,2%) [37] и землетрясения в Непале (365; 91,25%) [39]. Напротив, более низкие показатели идентификации наблюдались после авиакатастрофы в Малайзии ($n=34$; 100%) [25] и взрыва на заводе пиротехнических изделий в Италии ($n=9$; 90%) [38]. Катастрофы, связанные с промышленными и военными предприятиями, могут осложнить идентификацию жертв из-за схожего возраста, пола, этнического происхождения и одежды (униформы) пострадавших. Однако соответствующая литература по промышленным и военным массовым бедствиям на данный момент не была доступна для анализа.

В результате поиска литературы были выявлены три стихийных бедствия [28, 32, 39]. Стихийные бедствия, в отличие от случайных, могут происходить в течение длительного времени и на больших территориях. Серийные убийцы могут прятать, расчленять и уродовать трупы своих жертв. В некоторых случаях зубные структуры могут быть недоступны для посмертного исследования. Иногда тела жертв изуродованы настолько, что их можно идентифицировать только по ДНК. Авторы, писавшие о стихийных бедствиях в Новой Зеландии и Непале [32, 39], описали проблемы, возникшие при идентификации жертв по образцам ДНК, извлечённых из верхних коренных зубов [39]. Внешний осмотр каждого погибшего проводился квалифицированными специалистами. У неопознанных тел учёные из лаборатории судебной медицины полиции Непала брали образцы ДНК и отпечатки пальцев. Мазки для ДНК-анализа брались из незагрязнённой крови путём надреза в межрёберной области и прокола лёгких. Затем судебные одонтологи проводили стоматологический осмотр.

EM-DAT — всемирная база данных о техногенных и природных катастрофах, которая охватывает период с 1900 года по настоящее время и содержит

основные данные о распространённости и последствиях более 21 000 бедствий по всему миру. Так, по состоянию на 2017 год, согласно данным EM-DAT, в результате 149 катастроф, произошедших в 73 странах, погибли 3162 человека. Эти цифры свидетельствуют о количестве массовых бедствий, происходящих во всём мире [134]. Удивительно, но в результате поиска литературы было найдено всего 7 публикаций о 16 бедствиях. Это говорит о том, что для лучшего понимания роли, которую играют одонтологи и судебно-медицинские эксперты в идентификации жертв массовых бедствий, в будущих исследованиях на эту тему должны отображаться данные об используемых методах идентификации. Такие сведения позволят разработать новые и упростить стандартные процедуры по идентификации жертв массовых бедствий.

Из 22 005 жертв 20 100 (91,34%) были положительно идентифицированы с помощью судебно-медицинской методологии. Из 16 работ, отобранных для данного обзора, все жертвы массовых бедствий (100%) были идентифицированы с помощью судебно-медицинской экспертизы ДНК. В 7 (43,75%) из 16 работ ДНК чаще всего извлекали из пульпы зубов. Однако в этих исследованиях жертв идентифицировали с применением и других методов [24, 25, 28, 32, 37–39]. Эти данные позволяют предположить, что методы судебной одонтологии могут быть хорошим дополнительным инструментом для идентификации личности.

В общей сложности 20 100 (91,34%) жертв из 22 005 человек были положительно идентифицированы с помощью методов различных отраслей судебной медицины. Судебно-медицинская экспертиза ДНК была наиболее часто используемой методикой идентификации жертв, применяемой в 9 (56,25%) исследовательских работах из 16. Однако в двух случайных массовых бедствиях (автокатастрофа в Германии [33], железнодорожная катастрофа в Испании [34]), в одном массовом бедствии криминального характера (теракт в Испании [29]), авиакатастрофах в Непале [26], Индонезии [35], Ньюарке [30] и Нигерии [35], при лесном пожаре в Австралии 2009 года [31] и цунами в Японии [36] ДНК из образцов зубов для идентификации жертв не использовалась. Наиболее точный и надёжный метод идентификации жертв — ДНК-дактилоскопия, однако этот процесс является дорогостоящим, технически сложным и длительным, требующим современного лабораторного оборудования и участия высококвалифицированных специалистов. Необходимо также, чтобы образцы для проведения ДНК-анализа были чистыми, поскольку загрязнённые пальцы могут стать существенным препятствием для применения этого метода в медицинских учреждениях. Кроме того, человеческий фактор может стать причиной неправильного проведения процедуры, что приводит к ложным результатам. Примером таких ошибок могут быть попадание в образец других веществ или ошибочное признание двух образцов идентичными.

Из 20 100 (91,34%) идентифицированных жертв лишь небольшая часть (15,66%) была идентифицирована методами судебной одонтологии. Предсмертные и посмертные стоматологические характеристики зубов (количество, тип, положение, морфология и патология коронки и корня зуба, пульповая камера, морфология корневого канала и т.д.) и зубные протезы (реставрации, несъёмные и съёмные протезы, имплантаты), периодонтальные связки, челюстные кости и заболевания челюстно-лицевого аппарата — это те факторы, которые впоследствии сравниваются. В большинстве случаев идентификация жертвы не представляет сложности, если проводится путём сравнения реставраций, кариозных полостей, отсутствующих зубов и/или протезов согласно предсмертным и посмертным данным [135]. Предсмертные данные можно получить в учебных стоматологических больницах или в стоматологических клиниках широкого профиля. По этой причине мы считаем, что клиники широкого профиля и/или стоматологические учреждения должны вести карты пациентов. Специалисты в каждой клинике должны понимать судебно-медицинские последствия, присущие их профессии. В профессиональные обязанности стоматолога входит открытие карты, последующее её ведение и выдача чётких и точных записей о пациентах. К сожалению, в клиниках общего профиля в Индии отсутствуют необходимая квалификация и опыт ведения точных записей [136]. Несколько исследований показали, насколько важно информировать медицинских работников о ценности ведения стоматологических карт и о том, как эти данные потенциально могут быть использованы для идентификации жертв массовых бедствий.

В судебной одонтологии единственным регулирующим фактором, необходимым для успешной идентификации жертв, является качество предсмертных данных. Это можно наглядно продемонстрировать на примере цунами в Таиланде, когда лишь небольшой процент тайских жертв был идентифицирован с помощью методов судебной одонтологии из-за нехватки предсмертных стоматологических данных. И напротив, почти 80% иностранных жертв удалось идентифицировать по зубам [137, 138]. Однако после цунами в Японии одонтологам было сложно найти стоматологические карты жертв, поскольку многие стоматологические клиники были разрушены стихией [36].

Ограничения исследования

Одним из основных ограничений включённых в исследование работ является то, что ни в одной из них не упоминается химический состав зубов, который также может влиять на изучение ДНК зубов и, следовательно, изменять общий выход ДНК [24, 25, 28, 32, 37–39]. Отсутствует также информация о том, какая часть зуба является наилучшим источником ДНК. Таким образом, в будущих исследованиях необходимо представить данные о химическом составе зубов жертв массовых бедствий.

ЗАКЛЮЧЕНИЕ

Судебная одонтология играет важную роль в идентификации жертв различных массовых бедствий по всему миру, а также служит полезным вспомогательным инструментом, поскольку успешно используется в сочетании с другими методами идентификации жертв. Судебная одонтология считается одним из наиболее надёжных и доступных научных подходов к ликвидации последствий массовых бедствий. Однако основным условием успешной идентификации жертв с помощью методов судебной одонтологии является наличие посмертных записей в стоматологических клиниках общего профиля, поэтому специалисты таких клиник должны иметь достаточное представление о методах одонтологии и вести соответствующую документацию. Согласно прогнозам, в будущем распространённость массовых бедствий будет расти из-за таких факторов, как старение населения, изменение климатических условий, расширение возможностей общественного транспорта и рост криминальной активности. Следовательно, стоматологические клиники должны осознавать и строго выполнять свои национальные обязательства.

Судебно-медицинская экспертиза ДНК — ценный инструмент судебной медицины, который играет важную роль в уголовном правосудии, гуманитарной деятельности и научных исследованиях. Её применение произвело революцию в судебной медицине, предоставив бесценный инструмент для идентификации личности, раскрытия преступлений и развития знаний. По мере развития технологий и нашего понимания особенностей анализа ДНК зубов судебно-медицинская экспертиза ДНК будет оставаться ведущим методом в судебно-медицинских расследованиях, внося свой вклад в установление справедливости и истины.

СПИСОК ЛИТЕРАТУРЫ

- Nathan M.D., Sakthi D.S. Dentistry and mass disaster: A review // *J Clin Diagn Res*. 2014. Vol. 8, N 7. P. ZE01–3. doi: 10.7860/JCDR/2014/7282.4573
- Harris H.A., Lee H.C. Introduction to forensic science and criminalistics. CRC Press, 2019. 446 p. doi: 10.4324/9781315119175
- Acharya A.B. Role of forensic odontology in disaster victim identification in the Indian context // *J Dent Specialities*. 2015. Vol. 3, N 1. P. 1–3.
- Sakari S.L., Jimson S., Masthan K.M., Jacobina J. Role of DNA profiling in forensic odontology // *J Pharm Bioallied Sci*. 2015. Vol. 7, Suppl. 1. P. S138–141. doi: 10.4103/0975-7406.155863
- Manjunath B.C., Chandrashekar B.R., Mahesh M., Rani R.M. DNA profiling and forensic dentistry: A review of the recent concepts and trends // *J Forensic Leg Med*. 2011. Vol. 18, N 5. P. 191–197. doi: 10.1016/j.jflm.2011.02.005
- Sweet D. Why a dentist for identification? // *Dent Clin North Am*. 2001. Vol. 45, N 2. P. 237–251. doi: 10.1016/S0011-8532(22)01760-8
- Sujatha G., Priya V.V., Dubey A., et al. Toothbrushes as a source of DNA for gender and human identification: A systematic review // *Int J Environ Res Public Health*. 2021. Vol. 18, N 21. P. 11182. doi: 10.3390/ijerph182111182
- Mayall S.S., Agarwal P., Vashisth P. Dental DNA fingerprinting in identification of human remains // *Ann Dent Spec*. 2013. Vol. 1, N 1. P. 16–19.
- Sweet D. Forensic dental identification // *Forensic Sci Int*. 2010. Vol. 201, N 1-3. P. 3–4. doi: 10.1016/j.forsciint.2010.02.030
- Pittayapat P., Jacobs R., de Valck E., et al. Forensic odontology in the disaster victim identification process // *J Forensic Odontostomatol*. 2012. Vol. 30, N 1. P. 1–12.
- Waleed P., Baba F., Alsulami S., Tarakji B. Importance of dental records in forensic dental identification // *Acta Inform Med*. 2015. Vol. 23, N 1. P. 49–52. doi: 10.5455/aim.2015.23.49-52
- Jobim M.R., Gamio F., Ewald G., et al. Human identification using DNA purified from residues in used toothbrushes // *Int Congr Ser*. 2004. Vol. 1261. P. 491–493. doi: 10.1016/j.ics.2003.11.013

ДОПОЛНИТЕЛЬНАЯ ИНФОРМАЦИЯ

Источник финансирования. Авторы заявляют об отсутствии внешнего финансирования при проведении исследования.

Конфликт интересов. Авторы декларируют отсутствие явных и потенциальных конфликтов интересов, связанных с публикацией настоящей статьи.

Вклад авторов. Все авторы подтверждают соответствие своего авторства международным критериям ICMJE (все авторы внесли существенный вклад в разработку концепции, проведение поисково-аналитической работы и подготовку статьи, прочли и одобрили финальную версию перед публикацией). Наибольший вклад распределён следующим образом: Lopez Toribio Roe Mio, Manrique de Lara Suarez Digna Amabilia — планирование исследования, поиск литературных данных, подбор исследований и получение данных из первичных источников, написание рукописи; Castaneda Eugenio Nancy Elizabeth — планирование исследования, поиск литературных данных, подбор исследований и получение данных из первичных источников.

ADDITIONAL INFORMATION

Funding source. This study was not supported by any external sources of funding.

Competing interests. The authors declare that they have no competing interests.

Authors' contribution. All authors made a substantial contribution to the conception of the work, acquisition, analysis, interpretation of data for the work, drafting and revising the work, final approval of the version to be published and agree to be accountable for all aspects of the work. Lopez Toribio Roe Mio, Manrique de Lara Suarez Digna Amabilia — planing the study, conducted the literature search, selected studies and extracted data from the primary studies, wrote the manuscript; Castaneda Eugenio Nancy Elizabeth — designed the study, conducted the literature search, selected studies and extracted data from the primary studies.

13. Jeffreys A.J., Wilson V., Thein S.L. Individual-specific "fingerprints" of human DNA // *Nature*. 1985. Vol. 316, N 6023. P. 76–79. doi: 10.1038/316076a0
14. Maffeo C., Yoo J., Comer J., et al. Close encounters with DNA // *J Phys Condens Matter*. 2014. Vol. 26, N 41. P. 413101. doi: 10.1088/0953-8984/26/41/413101
15. Mansueto G., Benincasa G., Della Mura N., et al. Epigenetic-sensitive liquid biomarkers and personalised therapy in advanced heart failure: A focus on cell-free DNA and microRNAs // *J Clin Pathol*. 2020. Vol. 73, N 9. P. 535–543. doi: 10.1136/jclinpath-2019-206404
16. Van Oorschot R.A., Ballantyne K.N., Mitchell R.J. Forensic trace DNA: A review // *Investig Genet*. 2010. Vol. 1, N 1. P. 14. doi: 10.1186/2041-2223-1-14
17. Butler J.M. The future of forensic DNA analysis // *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*. 2015. Vol. 370, N 1674. P. 20140252. doi: 10.1098/rstb.2014.0252
18. Buckleton J., Triggs C., Clayton T. In: Buckleton J., Triggs C.M., Walsh S.J., ed. Disaster victim identification, identification of missing persons, and immigration cases in forensic DNA evidence interpretation. CRC Press Washington, D.C., 2005. P. 406–408. doi: 10.1201/9781420037920.ch11
19. Luntz L.L. History of forensic dentistry // *Dent Clin North Am*. 1977. Vol. 21, N 1. P. 7–17. doi: 10.1016/S0011-8532(22)00887-4
20. Neville B.W., Douglas D., Allen C.M., Bouquet J. Forensic dentistry. In: Neville B.W., editor. Oral & maxillofacial pathology. Philadelphia (PA): W.B. Saunders, 2002. P. 763–783.
21. Cumpston M.S., McKenzie J.E., Welch V.A., Brennan S.E. Strengthening systematic reviews in public health: Guidance in the Cochrane Handbook for Systematic Reviews of Interventions, 2nd ed. // *J Public Health (Oxf)*. 2022. Vol. 44, N 4. P. e588–e592. doi: 10.1093/pubmed/fdac036
22. Page M.J., McKenzie J.E., Bossuyt P.M., et al. The prisma 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews // *BMJ*. 2021. Vol. 372. P. n71. doi: 10.1136/bmj.n71
23. Bastiaan R.J. Dental identification of the Victorian bushfire victims // *Aust Dent J*. 1984. Vol. 29, N 2. P. 105–110. doi: 10.1111/j.1834-7819.1984.tb06044.x
24. Hsu C.M., Huang N.E., Tsai L.C., et al. Identification of victims of the 1998 taoyuan airbus crash accident using DNA analysis // *Int J Legal Med*. 1999. Vol. 113, N 1. P. 43–46. doi: 10.1007/s004140050277
25. Nambiar P., Jalil N., Singh B. The dental identification of victims of an aircraft accident in Malaysia // *Int Dent J*. 1997. Vol. 47, N 1. P. 9–15. doi: 10.1111/j.1875-595x.1997.tb00671.x
26. Bux R., Heidemann D., Enders M., Bratzke H. The value of examination aids in victim identification: A retrospective study of an airplane crash in Nepal in 2002 // *Forensic Sci Int*. 2006. Vol. 164, N 2-3. P. 155–158. doi: 10.1016/j.forsciint.2005.12.025
27. Schuller-Götzburg P., Suchanek J. Forensic odontologists successfully identify tsunami victims in Phuket, Thailand // *Forensic Sci Int*. 2007. Vol. 171, N 2-3. P. 204–207. doi: 10.1016/j.forsciint.2006.08.013
28. Tan P.H., Wee K.P., Sahelangi P. Remembering the Musi: Silk Air Flight MI 185 crash victim identification // *Ann Acad Med Singapore*. 2007. Vol. 36, N 10. P. 861–866. doi: 10.47102/annals-acadmedsg.V36N10p861
29. Prieto J.L., Tortosa C., Bedate A., et al. The 11 March 2004 Madrid terrorist attacks: The importance of the mortuary organisation for identification of victims. A critical review // *Int J Legal Med*. 2007. Vol. 121, N 6. P. 517–522. doi: 10.1007/s00414-007-0196-0
30. Hinchliffe J. Forensic odontology. Part 3. The Australian bushfires: Victoria state, February 2009 // *Br Dent J*. 2011. Vol. 210, N 7. P. 317–321. doi: 10.1038/sj.bdj.2011.239
31. Trengrove H. Operation earthquake 2011: Christchurch earthquake disaster victim identification // *J Forensic Odontostomatol*. 2011. Vol. 29, N 2. P. 1–7.
32. Bush M., Miller R. The crash of colgan air flight 3407: Advanced techniques in victim identification // *J Am Dent Assoc*. 2011. Vol. 142, N 12. P. 1352–1356. doi: 10.14219/jada.archive.2011.0135
33. Manhart J., Bittorf A., Buttner A. Disaster victim identification-experiences of the «Autobahn A19» disaster // *Forensic Sci Med Pathol*. 2012. Vol. 8, N 2. P. 118–124. doi: 10.1007/s12024-011-9307-9
34. Barbería E., Martín-Fumadó C., Galtés I., et al. Managing the identification of the mortal victims run over by a train in the Castelldefels railway accident (Barcelona) // *Leg Med (Tokyo)*. 2015. Vol. 17, N 5. P. 366–370. doi: 10.1016/j.legalmed.2015.05.002
35. Obafunwa J.O., Ogunbanjo V.O., Ogunbanjo O.B., et al. Forensic odontological observations in the victims of DANA air crash // *Pan Afr Med J*. 2015. Vol. 20. P. 96. doi: 10.11604/pamj.2015.20.96.5360
36. Iino M., Aoki Y. The use of radiology in the Japanese tsunami DVI process // *Forens Radiol Imaging*. 2016. Vol. 4. P. 20–26. doi: 10.1016/j.jofri.2015.12.006
37. De Boer H.H., Maat G.J., Kadarmo D.A., et al. DNA identification of human remains in Disaster Victim Identification (DVI): An efficient sampling method for muscle, bone, bone marrow and teeth // *Forensic Sci Int*. 2018. Vol. 289. P. 253–259. doi: 10.1016/j.forsciint.2018.05.044
38. Marrone M., Tarantino F., Stellacci A., et al. Forensic analysis and identification processes in mass disasters: Explosion of gun powder in the fireworks factory // *Molecules*. 2021. Vol. 27, N 1. P. 244. doi: 10.3390/molecules27010244
39. Dahal S., Chaudhary G.K., Maharjan M.R., Walung E.D. A dental perspective on the successes and limitations of the disaster victim identification response to the Nepal earthquake // *Forensic Sci Res*. 2022. Vol. 7, N 3. P. 366–370. doi: 10.1080/20961790.2022.2034716
40. Butler J.M. Forensic DNA typing biology, technology, and genetics of STR markers. 2nd ed. London: Elsevier Academic Press, 2005. 688 p.
41. Lee H.C., Ladd C., Bourke M.T., et al. DNA typing in forensic science. I. Theory and background // *Am J Forensic Med Pathol*. 1994. Vol. 15, N 4. P. 269e82. doi: 10.1097/00000433-199412000-00001
42. Odah M. The double helix of justice: The crucial role of DNA in advancing criminal investigations. Preprints. 2024. doi: 10.20944/preprints202403.0450.v1
43. Bettens T., Redlich A.D. The effects of confessions on misconduct and guilty pleas in exonerations: Implications for discovery policies // *Criminol Public Policy*. 2024. Vol. 23, N 1. P. 179–199. doi: 10.1111/1745-9133.12643
44. Sahu M.K., Jha H. DNA technology: A potential tool in forensic science. A review // *J Exp Zoology India*. 2024. Vol. 27, N 1. P. 47. doi: 10.51470/JEZ.2024.27.1.47
45. Watson J.L., McNevin D., Ward J. Genetic kinship testing techniques for human remains identification and missing persons investigations // *Forensic Genom*. 2024. Vol. 4, N 1. P. 4–23. doi: 10.1089/forensic.2023.0018
46. Worrakitirungsi W., Sathirapatya T., Sukawutthiya P., et al. Assessing the feasibility of free DNA for disaster victim identification and forensic applications // *Sci Rep*. 2024. Vol. 14, N 1. P. 5411. doi: 10.1038/s41598-024-53040-0

47. Greytak E., Wyatt S., Cady J., et al. Investigative genetic genealogy for human remains identification // *J Forensic Sci.* 2024. Vol. 69, N 5. P. 1531–1545. doi: 10.1111/1556-4029.15469
48. Dash H.R., Yadav T., Arora M. Advancements in forensic DNA analysis in generating investigation leads and elimination of innocents // *Forensic Justice.* 2024. P. 294–311. doi: 10.4324/9781032629346-20
49. Barcenilla C., Cobo-Díaz J.F., De Filippis F., et al. Improved sampling and DNA extraction procedures for microbiome analysis in food-processing environments // *Nat Protoc.* 2024. Vol. 19, N 5. P. 1291–1310. doi: 10.1038/s41596-023-00949-x
50. Shahzad M., De Maeyer H., Salih G.A., et al. Evaluation of storage conditions and the effect on DNA from forensic evidence objects retrieved from lake water // *Genes.* 2024. Vol. 15, N 3. P. 279. doi: 10.3390/genes15030279
51. Simon C., Franke A., Martin A. The polymerase chain reaction: DNA extraction and amplification // *Molecular Techniques Taxonomy.* 1991. P. 329–355. doi: 10.1007/978-3-642-83962-7_22
52. Bukyya J.L., Tejasvi M.L., Avinash A., et al. DNA profiling in forensic science: A review // *Glob Med Genet.* 2021. Vol. 8, N 04. P. 135–143. doi: 10.1055/s-0041-1728689
53. Bright J.A., Taylor D., Gittelson S., Buckleton J. The paradigm shift in DNA profile interpretation // *Forensic Sci Int Genet.* 2017. Vol. 31. P. e24–e32. doi: 10.1016/j.fsigen.2017.08.005
54. Bechky B.A. Evaluative spillovers from technological change: The effects of “DNA envy” on occupational practices in forensic science // *Adm Sci Q.* 2020. Vol. 65, N 3. P. 606–643. doi: 10.1177/0001839219855329
55. Roewer L. DNA fingerprinting in forensics: Past, present, future // *Investig Genet.* 2023. Vol. 4, N 1. P. 22. doi: 10.1186/2041-2223-4-22
56. Jawad E.F., Mahdi W.T., Yaseen H.S. Principles of genetic fingerprinting in forensic medicine // *JUBPAS.* 2023. Vol. 31, N 1. P. 182–191. doi: 10.29196/jubpas.v31i1.4569
57. Smith J.H., Singh M. Forensic DNA profiling: Legal and ethical considerations // *J Sci Res Rep.* 2024. Vol. 30, N 5. P. 141–144. doi: 10.9734/jsrr/2024/v30i51929
58. Tiwari P. Legal and ethical considerations in the use of DNA fingerprinting // *J Sci Res Rep.* 2024. Vol. 30, N 3. P. 236–242. doi: 10.9734/jsrr/2024/v30i31875
59. McCord B.R., Gauthier Q., Cho S., et al. Forensic DNA analysis // *Anal Chem.* 2019. Vol. 91, N 1. P. 673–688. doi: 10.1021/acs.analchem.8b05318
60. Makalowski W. The human genome structure and organization // *Acta Biochim Pol.* 2001. Vol. 48, N 3. P. 587–598. doi: 10.18388/abp.2001_3893
61. Fukuda M., Wakasugi S., Tsuzuki T., et al. Mitochondrial DNA-like sequences in the human nuclear genome: Characterization and implications in the evolution of mitochondrial DNA // *J Mol Biol.* 1985. Vol. 186, N 2. P. 257–266. doi: 10.1016/0022-2836(85)90102-0
62. Collins F.S., McKusick V.A. Implications of the human genome project for medical science // *JAMA.* 2001. Vol. 285, N 5. P. 540–544. doi: 10.1001/jama.285.5.540
63. Nakamura Y., Leppert M., O’Connell P., et al. Variable number of tandem repeat (VNTR) markers for human gene mapping // *Science.* 1987. Vol. 235, N 4796. P. 1616–1622. doi: 10.1126/science.3029872
64. Nakamura Y., Koyama K., Matsushima M. VNTR (variable number of tandem repeat) sequences as transcriptional, translational, or functional regulators // *J Hum Genet.* 1998. Vol. 43, N 3. P. 149–152. doi: 10.1007/s100380050059
65. Bakhtiari M., Shleizer-Burko S., Gymrek M., et al. Targeted genotyping of variable number tandem repeats with adVNTR // *Genome Res.* 2018. Vol. 28, N 11. P. 1709–1719. doi: 10.1101/gr.235119.118
66. Chakraborty R., Fornage M., Gueguen R., Boerwinkle E. Population genetics of hypervariable loci: Analysis of PCR based VNTR polymorphism within a population // *EXS.* 1991. Vol. 58. P. 127–143. doi: 10.1007/978-3-0348-7312-3_10
67. Harding R.M. VNTRs in review. *Evolutionary anthropology: Issues, news, and reviews.* 1992. Vol. 1, N 2. P. 62–71. doi: 10.1002/evan.1360010208
68. Narayanan S. Applications of restriction fragment length polymorphism // *Ann Clin Lab Sci.* 1991. Vol. 21, N 4. P. 291–296.
69. Rahiman S., Nissankararao P. Restriction fragment length polymorphism (RFLP) application in DNA typing for Crime investigation // *Indian J Forensic Med Toxicol.* 2010. Vol. 4, N 1. P. 79–82.
70. Budowle B., Adams D.E., Allen R.C. Fragment-length polymorphisms for forensic science applications // *Methods Nucleic Acids Research.* 1991. Vol. 181. P. 182.
71. Siebers M., Walla A., Rütjes T., et al. Application of DNA fingerprinting using the D1S80 locus in lab classes // *J Vis Exp.* 2021. Vol. 173. P. e62305. doi: 10.3791/62305
72. Vajpayee K., Sagar D.C., Dash H.R. Forensic DNA typing: Inception, methodology, and technical advancements // *Forensic DNA typing: Principles, applications and advancements.* 2020. P. 3–26. doi: 10.1007/978-981-15-6655-4_1
73. Kayser M., Sajantila A., Butler J.M., et al. Special issue: Forensic genetics: Unde venisti et quo vadis? // *Forensic Sci Int Genet.* 2023. Vol. 65. P. 102881. doi: 10.1016/j.fsigen.2023.102881
74. Novroski N.M., Cihlar J.C. Evolution of single-nucleotide polymorphism use in forensic genetics. *Wiley Interdisciplinary Reviews // Forensic Sci.* 2022. Vol. 4, N 6. P. e1459. doi: 10.1002/wfs2.1459
75. Zhang W., Jin X., Wang Y., et al. Genetic polymorphisms and forensic efficiencies of a set of novel autosomal In Del markers in a chinese mongolian group // *Biomed Res Int.* 2020. Vol. 2020. P. 3925189. doi: 10.1155/2020/3925189
76. De Knijff P. On the forensic use of Y-chromosome polymorphisms // *Genes.* 2022. Vol. 13, N 5. P. 898. doi: 10.3390/genes13050898
77. Gang A., Shrivastav V.K. Single-nucleotide polymorphism: A forensic perspective. *Handbook of DNA Profiling.* 2020. P. 1–22. doi: 10.1007/978-981-15-9364-2_8-1
78. Sameer A.S., Banday M.Z., Nissar S. Mutations and polymorphisms: What is the difference? // *Genetic Polymorphism Cancer Susceptibility.* 2021. P. 1–21. doi: 10.1007/978-981-33-6699-2_1
79. Peng D., Zhang Y., Ren H., et al. Identification of sequence polymorphisms at 58 STRs and 94 iSNPs in a Tibetan population using massively parallel sequencing // *Sci Rep.* 2020. Vol. 10, N 1. P. 12225. doi: 10.1038/s41598-020-69137-1
80. Ji Y., Gong J., Sedlazeck F.J., Fan S. Characterizing the genetic polymorphisms in 370 challenging medically relevant genes using long-read sequencing data from 41 human individuals among 19 global populations // *BioRxiv.* 2022. doi: 10.1101/2022.08.03.502734
81. Basu B.R., Pal R., Samaddar A., Chackraborty S. Genetic polymorphism: Evolution with technological advances and future direction // *Indian J Physiol Allied Sci.* 2022. Vol. 74, N 4. P. 12–15. doi: 10.55184/ijpas.v74i04.35
82. Tozzo P., Politi C., Delicati A., et al. External visible characteristics prediction through SNPs analysis in the forensic setting: A review //

- Front Biosci (Landmark Ed). 2021. Vol. 26, N 10. P. 828–850. doi: 10.52586/4991
- 83.** Purcell J., Lagunas-Robles G., Rabeling C., et al. The maintenance of polymorphism in an ancient social supergene // *Mol Ecol*. 2021. Vol. 30, N 23. P. 6246–6258. doi: 10.1111/mec.16196
- 84.** Loureiro L.O., Engstrom M.D., Lim B.K. Single nucleotide polymorphisms (SNPs) provide unprecedented resolution of species boundaries, phylogenetic relationships, and genetic diversity in the mastiff bats (*Molossus*) // *Mol Phylogenet Evol*. 2020. Vol. 143. P. 106690. doi: 10.1016/j.ympev.2019.106690
- 85.** Zhang Y., Lu W. Toll-like receptors gene polymorphisms in autoimmune disease // *Front Immunol*. 2021. Vol. 12. P. 672346. doi: 10.3389/fimmu.2021.672346
- 86.** Inuwa H.M., Ezeonu I.M., Adetunji C.O., et al. Medical biotechnology, biopharmaceutics, forensic science and bioinformatics. CRC Press, 2022. 460 p. doi: 10.1201/9781003178903
- 87.** Ghatak S., Muthukumaran R.B., Nachimuthu S.K. A simple method of genomic DNA extraction from human samples for PCR-RFLP analysis // *J Biomol Tech*. 2013. Vol. 24, N 4. P. 224–231. doi: 10.7171/jbt.13-2404-001
- 88.** Bugawan T.L., Saiki R.K., Levenson C.H., et al. The use of non-radioactive oligonucleotide probes to analyze enzymatically amplified DNA for prenatal diagnosis and forensic HLA typing // *Nat Biotechnol*. 1988. Vol. 6, N 8. P. 943–947. doi: 10.1038/nbt0888-943
- 89.** Gautam A. Polymerase chain reaction (PCR). In: DNA and RNA isolation techniques for non-experts. Cham: Springer International Publishing, 2022. P. 157–163. doi: 10.1007/978-3-030-94230-4_20
- 90.** Kaushik S., Sahajpal V. Capillary electrophoresis issues in forensic DNA typing // *Forensic DNA typing: Principles, applications and advancements*. 2020. P. 223–238. doi: 10.1007/978-981-15-6655-4_11
- 91.** Yuguda Y.M. Application of Next Generation Sequencing (NGS) technology in forensic science: A review // *GSC Biol Pharm Sci*. 2023. Vol. 23, N 2. P. 155–159. doi: 10.30574/gscbps.2023.23.2.0199
- 92.** Simoes Dutra Correa H., Brescia G., Cortellini V., et al. DNA quantitation and degradation assessment: A quantitative PCR protocol designed for small forensic genetics laboratories // *Electrophoresis*. 2020. Vol. 41, N 9. P. 714–719. doi: 10.1002/elps.201900360
- 93.** Francez P.A., Penido D.C., De Brito G.D., et al. Comparison between automated DNA extraction employing the EZ1 platform and manual methods using real forensic samples // *Rev Bras Criminol*. 2021. Vol. 10, N 1. P. 44–56. doi: 10.15260/rbc.v10i1.476
- 94.** Turingan R.S., Brown J., Kaplun L., et al. Identification of human remains using rapid DNA analysis // *Int J Legal Med*. 2020. Vol. 134, N 3. P. 863–872. doi: 10.1007/s00414-019-02186-y
- 95.** Amankwaa A.O. Trends in forensic DNA database: Transnational exchange of DNA data // *Forensic Sci Res*. 2020. Vol. 5, N 1. P. 8–14. doi: 10.1080/20961790.2019.1565651
- 96.** Kesic B., McCann N., Bowerbank S.L., et al. Forensic profiling of smokeless powders (SLPs) by gas chromatography-mass spectrometry (GC-MS): A systematic investigation into injector conditions and their effect on the characterisation of samples // *Anal Bioanal Chem*. 2024. Vol. 416, N 8. P. 1907–1922. doi: 10.1007/s00216-024-05189-w
- 97.** Abdel-Hay K.M., Belal T.S., Abiedalla Y., et al. Gas chromatography-mass spectrometry (GC-MS) and gas chromatography-infrared (GC-IR) analyses of the chloro-1-n-pentyl-3-(1-naphthoyl)-indoles: Regioisomeric cannabinoids // *Appl Spectrosc*. 2019. Vol. 73, N 4. P. 433–443. doi: 10.1177/0003702818809998
- 98.** Graham E.A. Lab-on-a-chip technology // *Forensic Sci Med Pathol*. 2005. Vol. 1, N 3. P. 221–223. doi: 10.1385/FSMP:1:3:221
- 99.** Medina-Sánchez M., Miserere S., Merkoçi A. Nanomaterials and lab-on-a-chip technologies // *Lab Chip*. 2012. Vol. 12, N 11. P. 1932–1943. doi: 10.1039/c2lc40063d
- 100.** Stanley U.N., Khadija A.M., Bukola A.T., et al. Forensic DNA profiling: Autosomal short tandem repeat as a prominent marker in crime investigation // *Malays J Med Sci*. 2020. Vol. 27, N 4. P. 22. doi: 10.21315/mjms2020.27.4.3
- 101.** Keerti A., Ninave S. DNA fingerprinting: Use of autosomal short tandem repeats in forensic DNA typing // *Cureus*. 2022. Vol. 14, N 10. P. e30210. doi: 10.7759/cureus.30210
- 102.** Novroski N.M., Woerner A.E., Budowle B. Potential highly polymorphic short tandem repeat markers for enhanced forensic identity testing // *Forensic Sci Int Genet*. 2018. Vol. 37. P. 162–171. doi: 10.1016/j.fsigen.2018.08.011
- 103.** Giardina E., Ragazzo M. Special Issue «Forensic Genetics and Genomics» // *Genes (Basel)*. 2021. Vol. 12, N 2. P. 158. doi: 10.3390/genes12020158
- 104.** Malik S.D., Pillai J.P., Malik U. Forensic genetics: Scope and application from forensic odontology perspective // *J Oral Maxillofac Pathol*. 2022. Vol. 26, N 4. P. 558–563. doi: 10.4103/jomfp.jomfp_341_21
- 105.** Hadi I., Abdullah M., Jaber A., Yoke C. Genetic variation of twenty autosomal STR loci and evaluate the importance of these loci for forensic genetic purposes // *Afr J Biotechnol*. 2014. Vol. 13, N 11. P. 1210–1218. doi: 10.5897/AJB2013.12923
- 106.** Dash H.R., Rawat N., Kakkar S., Swain A.K. Fundamentals of autosomal STR typing for forensic applications: Case studies // *DNA fingerprinting: Advancements and future endeavors*. 2018. P. 209–221. doi: 10.1007/978-981-13-1583-1_12
- 107.** Sharma A.K., Ghosh T. High autosomal STR allele sharing between full siblings // *Aust J Forensic Sci*. 2010. Vol. 42, N 2. P. 137–140. doi: 10.1080/00450610903258078
- 108.** Guerrini C.J., Brooks W.B., Robinson J.O., et al. IGG in the trenches: Results of an in-depth interview study on the practice, politics, and future of investigative genetic genealogy // *Forensic Sci Int*. 2024. Vol. 356. P. 111946. doi: 10.1016/j.forsciint.2024.111946
- 109.** Wickenheiser R.A. Expanding DNA database effectiveness // *Forensic Sci Int Synerg*. 2022. Vol. 4. P. 100226. doi: 10.1016/j.fsisyn.2022.100226
- 110.** Ruitberg C.M., Reeder D.J., Butler J.M. STRBase: A short tandem repeat DNA database for human identity testing community // *Nucleic Acid Res*. 2001. Vol. 29, N 1. P. 320–322. doi: 10.1093/nar/29.1.320
- 111.** Combined DNA index system (CODIS). Federal Bureau of investigations (US). [2024 March 28]. Режим доступа: <http://www.justice.gov/oig/reports/FBI/a0126/final.pdf>. Дата обращения: 15.07.2024.
- 112.** Combined DNA Index system. DNA Initiative [2024 March 28]. Режим доступа: <http://www.dna.gov/dna-databases/codis>. Дата обращения: 15.07.2024.
- 113.** D’Atanasio E., Cruciani F., Trombetta B. Single-nucleotide polymorphisms: An overview of the sequence polymorphisms // *Forensic DNA Analysis*. 2021. P. 23–50. doi: 10.1201/9781003043027-3
- 114.** Kitamura M. [DNA typing for individual identification] // *Yakugaku Zasshi*. 2019. Vol. 139, N 5. P. 725–730. doi: 10.1248/yakushi.18-00166-6
- 115.** Wu L., Chu X., Zheng J., et al. Targeted capture and sequencing of 1245 SNPs for forensic applications // *Forensic Sci Int Genet*. 2019. Vol. 42. P. 227–234. doi: 10.1016/j.fsigen.2019.07.006

- 116.** Darwin D., Sakthivel S., Castelino R.L., et al. Oral cavity: A forensic kaleidoscope // *J Health Allied Sci.* 2022. Vol. 12, N 1. P. 7–12. doi: 10.1055/s-0041-1731117
- 117.** Ata-Ali J., Ata-Ali F. Forensic dentistry in human identification: A review of the literature // *J Clin Exp Dent.* 2014. Vol. 6, N 2. P. e162–e167. doi: 10.4317/jced.51387
- 118.** Rajkumari S. Oral autopsy-dental surgeon's perspective // *J Forensic Dent Sci.* 2020. Vol. 12, N 1. P. 66–71. doi: 10.18311/jfds/12/1/2020.9
- 119.** Pandeshwar P, Das R. Role of oral fluids in DNA investigations // *J Forensic Leg Med.* 2014. Vol. 22. P. 45–50. doi: 10.1016/j.jflm.2013.12.007
- 120.** Lovisolo F., Ogbanga N., Sguazzi G., et al. Oral and skin microbiome as potential tools in forensic field // *Forensic Sci Int Genet Suppl Ser.* 2022. Vol. 8. P. 65–67. doi: 10.1016/j.fsigss.2022.09.024
- 121.** Heathfield L.J., Haikney T.E., Mole C.G., et al. Forensic human identification: Investigation into tooth morphotype and DNA extraction methods from teeth // *Sci Justice.* 2021. Vol. 61, N 4. P. 339–344. doi: 10.1016/j.scijus.2021.05.005
- 122.** Hochmeister M.N. PCR analysis of DNA from fresh and decomposed bodies and skeletal remains in medico legal death investigations // *Methods Mol Biol.* 1998. Vol. 98. P. 19–26. doi: 10.1385/0-89603-443-7:19
- 123.** Smith B.C., Fisher D.L., Weedn V.W., et al. A systematic approach to the sampling of Dental DNA // *J Forensic Sci.* 1993. Vol. 38, N 5. P. 1194–209. doi: 10.1520/jfs13524j
- 124.** Tran-Hung L., Tran-Thi N., Aboudharam G., et al. New method to extract dental pulp DNA: Application to universal detection of bacteria // *PLoS One.* 2007. Vol. 2, N 10. P. e1062. doi: 10.1371/journal.pone.0001062
- 125.** Sweet D., Hildebrand D. Recovery of DNA from human teeth by cryogenic grinding // *J Forensic Sci.* 1998. Vol. 43, N 6. P. 1199–1202. doi: 10.1520/jfs14385j
- 126.** Kaleelullah R.A., Hamid P. Forensic odontology, a boon and a humanitarian tool: A literature review // *Cureus.* 2020. Vol. 12, N 3. P. e7400. doi: 10.7759/cureus.7400
- 127.** Qadri A.W., Yadav S., Jain A., et al. Tooth as a vital source of DNA in forensic odontology: Recent perspective // *J Dent Educ.* 2023. Vol. 9, N 2. P. 73–79. doi: 10.25259/JADE_43_2023
- 128.** Lozano-Peral D., Rubio L., Santos I., et al. DNA degradation in human teeth exposed to thermal stress // *Sci Rep.* 2021. Vol. 11, N 1. P. 12118. doi: 10.1038/s41598-021-91505-8
- 129.** Raffone C., Baeta M., Lambacher N., et al. Intrinsic and extrinsic factors that may influence DNA preservation in skeletal remains: A review // *Forensic Sci Int.* 2021. Vol. 325. P. 110859. doi: 10.1016/j.forsciint.2021.110859
- 130.** Carrasco P., Inostroza C., Didier M., et al. Optimizing DNA recovery and forensic typing of degraded blood and dental remains using a specialized extraction method, comprehensive qPCR sample characterization, and massively parallel sequencing // *Int J Legal Med.* 2020. Vol. 134, N 1. P. 79–91. doi: 10.1007/s00414-019-02124-y
- 131.** Correa H.S., Cortellini V., Brescia G., Verzeletti A. Human identification through DNA analysis of restored postmortem teeth // *Forensic Sci Int Genet.* 2020. Vol. 47. P. 102302. doi: 10.1016/j.fsigen.2020.102302
- 132.** Utama V., Tanjung R., Quendangen A., et al. The role of dental record data in the mass disaster identification process: A case report of the Sriwijaya SJ-182 airplane crash // *Quality Improvement in Dental and Medical Knowledge, Research, Skills and Ethics Facing Global Challenges.* CRC Press, 2024. P. 299–304. doi: 10.1201/9781003402374-46
- 133.** Pajnič I.Z. Molecular genetic aspects of ancient DNA analyses // *Zdrav Vestn.* 2020. Vol. 89, N 3–4. P. 171–189. doi: 10.6016/ZdravVestn.2923
- 134.** EM-DAT: The OFDA/CRED International Disaster Database. Disaster Data: A Balanced Perspective. Issue 48. [2017, Sept]. Пе-жим доступа: <http://www.emdat.be/#pager>. Дата обращения: 15.07.2024.
- 135.** Dutta S.R., Singh P., Passi D., et al. The role of dentistry in disaster management and victim identification: An overview of challenges in Indo-Nepal scenario // *J Maxillofac Oral Surg.* 2016. Vol. 15. P. 442–448. doi: 10.1007/s12663-016-0896-4
- 136.** Gambhir R.S., Singh G., Talwar P.S., et al. Knowledge and awareness of forensic odontology among dentists in India: A systematic review // *J Forensic Dent Sci.* 2016. Vol. 8, N 1. P. 2–6. doi: 10.4103/0975-1475.176954
- 137.** Lau G., Tan W.F., Tan P.H. After the Indian ocean tsunami: Singapore's contribution to the international disaster victim identification effort in Thailand // *Ann Acad Med Singapore.* 2005. Vol. 34, N 5. P. 341–351.
- 138.** James H. Thai tsunami victim identification: Overview to date // *J Forensic Odonto-stomatol.* 2023. Vol. 23, N 1. P. 1–18.

REFERENCES

- 1.** Nathan MD, Sakthi DS. Dentistry and mass disaster: A review. *J Clin Diagn Res.* 2014;8(7):ZE01-3. doi: 10.7860/JCDR/2014/7282.4573
- 2.** Harris HA, Lee HC. *Introduction to forensic science and criminalistics.* CRC Press; 2019. 446 p. doi: 10.4324/9781315119175
- 3.** Acharya AB. Role of forensic odontology in disaster victim identification in the Indian context. *J Dent Specialities.* 2015;3(1):1–3.
- 4.** Sakari SL, Jimson S, Masthan KM, Jacobina J. Role of DNA profiling in forensic odontology. *J Pharm Bioallied Sci.* 2015;7(Suppl 1):S138–141. doi: 10.4103/0975-7406.155863
- 5.** Manjunath BC, Chandrashekar BR, Mahesh M, Rani RM. DNA profiling and forensic dentistry: A review of the recent concepts and trends. *J Forensic Leg Med.* 2011;18(5):191–197. doi: 10.1016/j.jflm.2011.02.005
- 6.** Sweet D. Why a dentist for identification? *Dent Clin North Am.* 2001;45(2):237–251. doi: 10.1016/S0011-8532(22)01760-8
- 7.** Sujatha G, Priya VV, Dubey A, et al. Toothbrushes as a source of DNA for gender and human identification: A systematic review. *Int J Environ Res Public Health.* 2021;18(21):11182. doi: 10.3390/ijerph182111182
- 8.** Mayall SS, Agarwal P, Vashisth P. Dental DNA fingerprinting in identification of human remains. *Ann Dent Spec.* 2013;1(1):16–19.
- 9.** Sweet D. Forensic dental identification. *Forensic Sci Int.* 2010;201(1-3):3–4. doi: 10.1016/j.forsciint.2010.02.030
- 10.** Pittayapat P, Jacobs R, de Valck E, et al. Forensic odontology in the disaster victim identification process. *J Forensic Odontostomatol.* 2012;30(1):1–12.
- 11.** Waleed P, Baba F, Alsulami S, Tarakji B. Importance of dental records in forensic dental identification. *Acta Inform Med.* 2015;23(1):49–52. doi: 10.5455/aim.2015.23.49-52
- 12.** Jobim MR, Gamio F, Ewald G, et al. Human identification using DNA purified from residues in used toothbrushes. *Int Congr Ser.* 2004;1261:491–493. doi: 10.1016/j.ics.2003.11.013

13. Jeffreys AJ, Wilson V, Thein SL. Individual-specific "fingerprints" of human DNA. *Nature*. 1985;316(6023):76–79. doi: 10.1038/316076a0
14. Maffeo C, Yoo J, Comer J, et al. Close encounters with DNA. *J Phys Condens Matter*. 2014;26(41):413101. doi: 10.1088/0953-8984/26/41/413101
15. Mansueto G, Benincasa G, Della Mura N, et al. Epigenetic-sensitive liquid biomarkers and personalised therapy in advanced heart failure: A focus on cell-free DNA and microRNAs. *J Clin Pathol*. 2020;73(9):535–543. doi: 10.1136/jclinpath-2019-206404
16. Van Oorschot RA, Ballantyne KN, Mitchell RJ. Forensic trace DNA: A review. *Investig Genet*. 2010;1(1):14. doi: 10.1186/2041-2223-1-14
17. Butler JM. The future of forensic DNA analysis. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*. 2015;370(1674):20140252. doi: 10.1098/rstb.2014.0252
18. Buckleton J, Triggs C, Clayton T. In: Buckleton J, Triggs CM, Walsh SJ, ed. *Disaster victim identification, identification of missing persons, and immigration cases in forensic DNA evidence interpretation*. CRC Press Washington, D.C.; 2005. P. 406–408. doi: 10.1201/9781420037920.ch11
19. Luntz LL. History of forensic dentistry. *Dent Clin North Am*. 1977;21:7–17. doi: 10.1016/S0011-8532(22)00887-4
20. Neville BW, Douglas D, Allen CM, Bouquot J. Forensic dentistry In: Neville BW, editor. *Oral & maxillofacial pathology*. Philadelphia (PA): W.B. Saunders; 2002. P. 763–783.
21. Cumpston MS, McKenzie JE, Welch VA, Brennan SE. Strengthening systematic reviews in public health: Guidance in the Cochrane Handbook for Systematic Reviews of Interventions, 2nd ed. *J Public Health (Oxf)*. 2022;44(4):e588–e592. doi: 10.1093/pubmed/fdac036
22. Page MJ, McKenzie JE, Bossuyt PM, et al. The prisma 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews. *BMJ*. 2021;372:n71. doi: 10.1136/bmj.n71
23. Bastiaan RJ. Dental identification of the Victorian bushfire victims. *Aust Dent J*. 1984;29(2):105–110. doi: 10.1111/j.1834-7819.1984.tb06044.x
24. Hsu CM, Huang NE, Tsai LC, et al. Identification of victims of the 1998 Taoyuan Airbus crash accident using DNA analysis. *Int J Legal Med*. 1999;113(1):43–46. doi: 10.1007/s004140050277
25. Nambiar P, Jalil N, Singh B. The dental identification of victims of an aircraft accident in Malaysia. *Int Dent J*. 1997;47(1):9–15. doi: 10.1111/j.1875-595x.1997.tb00671.x
26. Bux R, Heidemann D, Enders M, Bratzke H. The value of examination aids in victim identification: A retrospective study of an airplane crash in Nepal in 2002. *Forensic Sci Int*. 2006;164(2-3):155–158. doi: 10.1016/j.forsciint.2005.12.025
27. Schuller-Götzburg P, Suchanek J. Forensic odontologists successfully identify tsunami victims in Phuket, Thailand. *Forensic Sci Int*. 2007;171(2-3):204–207. doi: 10.1016/j.forsciint.2006.08.013
28. Tan PH, Wee KP, Sahelangi P. Remembering the Musi: SilkAir Flight MI 185 crash victim identification. *Ann Acad Med Singapore*. 2007;36(10):861–866. doi: 10.47102/annals-acadmedsg.V36N10p861
29. Prieto JL, Tortosa C, Bedate A, et al. The 11 March 2004 Madrid terrorist attacks: The importance of the mortuary organisation for identification of victims. A critical review. *Int J Legal Med*. 2007;121(6):517–522. doi: 10.1007/s00414-007-0196-0
30. Hinchliffe J. Forensic odontology. Part 3. The Australian bushfires: Victoria state, February 2009. *Br Dent J*. 2011;210(7):317–321. doi: 10.1038/sj.bdj.2011.239
31. Trengrove H. Operation earthquake 2011: Christchurch earthquake disaster victim identification. *J Forensic Odontostomatol*. 2011;29(2):1–7.
32. Bush M, Miller R. The crash of colgan air flight 3407: Advanced techniques in victim identification. *J Am Dent Assoc*. 2011;142(12):1352–1356. doi: 10.14219/jada.archive.2011.0135
33. Manhart J, Bittorf A, Buttner A. Disaster victim identification-experiences of the «Autobahn A19» disaster. *Forensic Sci Med Pathol*. 2012;8(2):118–124. doi: 10.1007/s12024-011-9307-9
34. Barbería E, Martín-Fumadó C, Galtés I, et al. Managing the identification of the mortal victims run over by a train in the Castelldefels railway accident (Barcelona). *Leg Med (Tokyo)*. 2015;17(5):366–370. doi: 10.1016/j.legalmed.2015.05.002
35. Obafunwa JO, Ogunbanjo VO, Ogunbanjo OB, et al. Forensic odontological observations in the victims of DANA air crash. *Pan Afr Med J*. 2015;20:96. doi: 10.11604/pamj.2015.20.96.5360
36. Iino M, Aoki Y. The use of radiology in the Japanese tsunami DVI process. *Forens Radiol Imaging*. 2016;4:20–26. doi: 10.1016/j.jofri.2015.12.006
37. De Boer HH, Maat GJ, Kadarmo DA, et al. DNA identification of human remains in Disaster Victim Identification (DVI): An efficient sampling method for muscle, bone, bone marrow and teeth. *Forensic Sci Int*. 2018;289:253–259. doi: 10.1016/j.forsciint.2018.05.044
38. Marrone M, Tarantino F, Stellacci A, et al. Forensic analysis and identification processes in mass disasters: Explosion of gun powder in the fireworks factory. *Molecules*. 2021;27(1):244. doi: 10.3390/molecules27010244
39. Dahal S, Chaudhary GK, Maharjan MR, Walung ED. A dental perspective on the successes and limitations of the disaster victim identification response to the Nepal earthquake. *Forensic Sci Res*. 2022;7(3):366–370. doi: 10.1080/20961790.2022.2034716
40. Butler JM. *Forensic DNA typing biology, technology, and genetics of STR markers*. 2nd ed. London: Elsevier Academic Press; 2005. 688 p.
41. Lee HC, Ladd C, Bourke MT, et al. DNA typing in forensic science. I. Theory and background. *Am J Forensic Med Pathol*. 1994;15(4):269e82. doi: 10.1097/00000433-199412000-00001
42. Odah M. *The double helix of justice: The crucial role of DNA in advancing criminal investigations*. Preprints. 2024. doi: 10.20944/preprints202403.0450.v1
43. Bettens T, Redlich AD. The effects of confessions on misconduct and guilty pleas in exonerations: Implications for discovery policies. *Criminol Public Policy*. 2024;23(1):179–199. doi: 10.1111/1745-9133.12643
44. Sahu MK, Jha H. DNA technology: A potential tool in forensic science—a review. *J Exp Zoology India*. 2024;27(1):47. doi: 10.51470/JEZ.2024.27.1.47
45. Watson JL, McNevin D, Ward J. Genetic kinship testing techniques for human remains identification and missing persons investigations. *Forensic Genom*. 2024;4(1):4–23. doi: 10.1089/forensic.2023.0018
46. Worrapiitungsri W, Sathirapatya T, Sukawutthiya P, et al. Assessing the feasibility of free DNA for disaster victim identification and forensic applications. *Sci Rep*. 2024;14(1):5411. doi: 10.1038/s41598-024-53040-0
47. Greytak E, Wyatt S, Cady J, et al. Investigative genetic genealogy for human remains identification. *J Forensic Sci*. 2024;69(5):1531–1545. doi: 10.1111/1556-4029.15469
48. Dash HR, Yadav T, Arora M. Advancements in forensic DNA analysis in generating investigation leads and elimination of innocents. *Forensic Justice*. 2024. P. 294–311. doi: 10.4324/9781032629346-20
49. Barcenilla C, Cobo-Díaz JF, De Filippis F, et al. Improved sampling and DNA extraction procedures for microbiome analysis in food-processing environments. *Nat Protoc*. 2024;19(5):1291–1310. doi: 10.1038/s41596-023-00949-x

50. Shahzad M, De Maeyer H, Salih GA, et al. Evaluation of storage conditions and the effect on DNA from forensic evidence objects retrieved from lake water. *Genes*. 2024;15(3):279. doi: 10.3390/genes15030279
51. Simon C, Franke A, Martin A. The polymerase chain reaction: DNA extraction and amplification. *Molecular Techniques Taxonomy*. 1991;57:329–355. doi: 10.1007/978-3-642-83962-7_22
52. Bukyya JL, Tejasvi ML, Avinash A, et al. DNA profiling in forensic science: A review. *Glob Med Genet*. 2021;8(04):135–143. doi: 10.1055/s-0041-1728689
53. Bright JA, Taylor D, Gittelson S, Buckleton J. The paradigm shift in DNA profile interpretation. *Forensic Sci Int Genet*. 2017;31:e24–e32. doi: 10.1016/j.fsigen.2017.08.005
54. Bechky BA. Evaluative spillovers from technological change: The effects of “DNA envy” on occupational practices in forensic science. *Adm Sci Q*. 2020;65(3):606–643. doi: 10.1177/0001839219855329
55. Roewer L. DNA fingerprinting in forensics: Past, present, future. *Investig Genet*. 2023;4(1):22. doi: 10.1186/2041-2223-4-22
56. Jawad EF, Mahdi WT, Yaseen HS. Principles of genetic fingerprinting in forensic medicine. *JUBPAS*. 2023;31(1):182–191. doi: 10.29196/jubpas.v31i1.4569
57. Smith JH, Singh M. Forensic DNA profiling: Legal and ethical considerations. *J Sci Res Rep*. 2024;30(5):141–144. doi: 10.9734/jsrr/2024/v30i51929
58. Tiwari P. Legal and ethical considerations in the use of DNA fingerprinting. *J Sci Res Rep*. 2024;30(3):236–242. doi: 10.9734/jsrr/2024/v30i31875
59. McCord BR, Gauthier Q, Cho S, et al. Forensic DNA analysis. *Anal Chem*. 2019;91(1):673–688. doi: 10.1021/acs.analchem.8b05318
60. Makatowski W. The human genome structure and organization. *Acta Biochim Pol*. 2001;48(3):587–598. doi: 10.18388/abp.2001_3893
61. Fukuda M, Wakasugi S, Tsuzuki T, et al. Mitochondrial DNA-like sequences in the human nuclear genome: Characterization and implications in the evolution of mitochondrial DNA. *J Mol Biol*. 1985;186(2):257–266. doi: 10.1016/0022-2836(85)90102-0
62. Collins FS, McKusick VA. Implications of the human genome project for medical science. *JAMA*. 2001;285(5):540–544. doi: 10.1001/jama.285.5.540
63. Nakamura Y, Leppert M, O’Connell P, et al. Variable number of tandem repeat (VNTR) markers for human gene mapping. *Science*. 1987;235(4796):1616–1622. doi: 10.1126/science.3029872
64. Nakamura Y, Koyama K, Matsushima M. VNTR (variable number of tandem repeat) sequences as transcriptional, translational, or functional regulators. *J Hum Genet*. 1998;43(3):149–152. doi: 10.1007/s100380050059
65. Bakhtiari M, Shleizer-Burko S, Gymrek M, et al. Targeted genotyping of variable number tandem repeats with adVNTR. *Genome Res*. 2018;28(11):1709–1719. doi: 10.1101/gr.235119.118
66. Chakraborty R, Fornage M, Gueguen R, Boerwinkle E. Population genetics of hypervariable loci: Analysis of PCR based VNTR polymorphism within a population. *EXS*. 1991;58:127–143. doi: 10.1007/978-3-0348-7312-3_10
67. Harding RM. VNTRs in review. *Evolutionary anthropology: Issues, news, and reviews*. 1992;1(2):62–71. doi: 10.1002/evan.1360010208
68. Narayanan S. Applications of restriction fragment length polymorphism. *Ann Clin Lab Sci*. 1991;21(4):291–296.
69. Rahiman S, Nissankararao P. Restriction fragment length polymorphism (RFLP) application in DNA typing for Crime investigation. *Indian J Forensic Med Toxicol*. 2010;4(1):79–82.
70. Budowle B, Adams DE, Allen RC. Fragment-length polymorphisms for forensic science applications. *Methods Nucleic Acids Research*. 1991;181:182.
71. Siebers M, Walla A, Rütjes T, et al. Application of DNA fingerprinting using the D1S80 locus in lab classes. *J Vis Exp*. 2021;173:e62305. doi: 10.3791/62305
72. Vajpayee K, Sagar DC, Dash HR. *Forensic DNA typing: Inception, methodology, and technical advancements*. In: Forensic DNA typing: Principles, applications and advancements. 2020. P. 3–26. doi: 10.1007/978-981-15-6655-4_1
73. Kayser M, Sajantila A, Butler JM, et al. Special issue: Forensic genetics: Unde venisti et quo vadis? *Forensic Sci Int Genet*. 2023;65:102881. doi: 10.1016/j.fsigen.2023.102881
74. Novroski NM, Cihlar JC. Evolution of single-nucleotide polymorphism use in forensic genetics. *Wiley interdisciplinary reviews. Forensic Sci*. 2022;4(6):e1459. doi: 10.1002/wfs2.1459
75. Zhang W, Jin X, Wang Y, et al. Genetic polymorphisms and forensic efficiencies of a set of novel autosomal in del markers in a chinese mongolian group. *Biomed Res Int*. 2020; 2020:3925189. doi: 10.1155/2020/3925189
76. De Knijff P. On the forensic use of Y-chromosome polymorphisms. *Genes*. 2022;13(5):898. doi: 10.3390/genes13050898
77. Gang A, Shrivastav VK. *Single-nucleotide polymorphism: A forensic perspective*. Handbook of DNA Profiling; 2020. P. 1–22. doi: 10.1007/978-981-15-9364-2_8-1
78. Sameer AS, Banday MZ, Nissar S. Mutations and polymorphisms: What is the difference? *Genetic Polymorphism Cancer Susceptibility*. 2021. P. 1–21. doi: 10.1007/978-981-33-6699-2_1
79. Peng D, Zhang Y, Ren H, et al. Identification of sequence polymorphisms at 58 STRs and 94 iSNPs in a Tibetan population using massively parallel sequencing. *Sci Rep*. 2020;10(1):12225. doi: 10.1038/s41598-020-69137-1
80. Ji Y, Gong J, Sedlazeck FJ, Fan S. Characterizing the genetic polymorphisms in 370 challenging medically relevant genes using long-read sequencing data from 41 human individuals among 19 global populations. *BioRxiv*. 2022. doi: 10.1101/2022.08.03.502734
81. Basu BR, Pal R, Samaddar A, Chackraborty S. Genetic polymorphism: Evolution with technological advances and future direction. *Indian J Physiol Allied Sci*. 2022;74(4):12–15. doi: 10.55184/ijpas.v74i04.35
82. Tozzo P, Politi C, Delicati A, et al. External visible characteristics prediction through SNPs analysis in the forensic setting: A review. *Front Biosci (Landmark Ed)*. 2021;26(10):828–850. doi: 10.52586/4991
83. Purcell J, Lagunas-Robles G, Rabeling C, et al. The maintenance of polymorphism in an ancient social supergene. *Mol Ecol*. 2021;30(23):6246–6258. doi: 10.1111/mec.16196
84. Loureiro LO, Engstrom MD, Lim BK. Single nucleotide polymorphisms (SNPs) provide unprecedented resolution of species boundaries, phylogenetic relationships, and genetic diversity in the mastiff bats (*Molossus*). *Mol Phylogenet Evol*. 2020;143:106690. doi: 10.1016/j.ympev.2019.106690
85. Zhang Y, Lu W. Toll-like receptors gene polymorphisms in autoimmune disease. *Front Immunol*. 2021;12:672346. doi: 10.3389/fimmu.2021.672346
86. Inuwa HM, Ezeonu IM, Adetunji CO, et al. *Medical biotechnology, biopharmaceutics, forensic science and bioinformatics*. CRC Press; 2022. 460 p. doi: 10.1201/9781003178903
87. Ghatak S, Muthukumaran RB, Nachimuthu SK. A simple method of genomic DNA extraction from human samples for PCR-RFLP analysis. *J Biomol Tech*. 2013;24(4):224–231. doi: 10.7171/jbt.13-2404-001

88. Bugawan TL, Saiki RK, Levenson CH, et al. The use of non-radioactive oligonucleotide probes to analyze enzymatically amplified DNA for prenatal diagnosis and forensic HLA typing. *Nat Biotechnol.* 1988;6(8):943–947. doi: 10.1038/nbt0888-943
89. Gautam A. *Polymerase chain reaction (PCR)*. In: DNA and RNA isolation techniques for non-experts. Cham: Springer International Publishing; 2022. P. 157–163. doi: 10.1007/978-3-030-94230-4_20
90. Kaushik S, Sahajpal V. *Capillary electrophoresis issues in forensic DNA typing*. In: Forensic DNA typing: Principles, applications and advancements. 2020. P. 223–238. doi: 10.1007/978-981-15-6655-4_11
91. Yuguda YM. Application of Next Generation Sequencing (NGS) technology in forensic science: A review. *GSC Biol Pharm Sci.* 2023;23(2):155–159. doi: 10.30574/gscbps.2023.23.2.0199
92. Simoes Dutra Correa H, Brescia G, Cortellini V, et al. DNA quantitation and degradation assessment: A quantitative PCR protocol designed for small forensic genetics laboratories. *Electrophoresis.* 2020;41(9):714–719. doi: 10.1002/elps.201900360
93. Francez PA, Penido DC, de Brito GD, et al. Comparison between automated DNA extraction employing the EZ1 platform and manual methods using real forensic samples. *Rev Bras Crimin.* 2021;10(1):44–56. doi: 10.15260/rbc.v10i1.476
94. Turingan RS, Brown J, Kaplun L, et al. Identification of human remains using rapid DNA analysis. *Int J Legal Med.* 2020;134(3):863–872. doi: 10.1007/s00414-019-02186-y
95. Amankwaa AO. Trends in forensic DNA database: Transnational exchange of DNA data. *Forensic Sci Res.* 2020;5(1):8–14. doi: 10.1080/20961790.2019.1565651
96. Kesic B, McCann N, Bowerbank SL, et al. Forensic profiling of smokeless powders (SLPs) by gas chromatography-mass spectrometry (GC-MS): A systematic investigation into injector conditions and their effect on the characterisation of samples. *Anal Bioanal Chem.* 2024;416(8):1907–1922. doi: 10.1007/s00216-024-05189-w
97. Abdel-Hay KM, Belal TS, Abiedalla Y, et al. Gas chromatography-mass spectrometry (GC-MS) and gas chromatography-infrared (GC-IR) analyses of the chloro-1-n-pentyl-3-(1-naphthoyl)-indoles: Regioisomeric cannabinoids. *Appl Spectrosc.* 2019;73(4):433–443. doi: 10.1177/0003702818809998
98. Graham EA. Lab-on-a-chip technology. *Forensic Sci Med Pathol.* 2005;1(3):221–223. doi: 10.1385/FSMP:1:3:221
99. Medina-Sánchez M, Miserere S, Merkoçi A. Nanomaterials and lab-on-a-chip technologies. *Lab Chip.* 2012;12(11):1932–1943. doi: 10.1039/c2lc40063d
100. Stanley UN, Khadija AM, Bukola AT, et al. Forensic DNA profiling: Autosomal short tandem repeat as a prominent marker in crime investigation. *Malays J Med Sci.* 2020;27(4):22. doi: 10.21315/mjms2020.27.4.3
101. Keerti A, Ninave S. DNA fingerprinting: Use of autosomal short tandem repeats in forensic DNA typing. *Cureus.* 2022;14(10):e30210. doi: 10.7759/cureus.30210
102. Novroski NM, Woerner AE, Budowle B. Potential highly polymorphic short tandem repeat markers for enhanced forensic identity testing. *Forensic Sci Int Genet.* 2018;37:162–171. doi: 10.1016/j.fsigen.2018.08.011
103. Giardina E, Ragazzo M. Special Issue «Forensic Genetics and Genomics». *Genes (Basel).* 2021;12(2):158. doi: 10.3390/genes12020158
104. Malik SD, Pillai JP, Malik U. Forensic genetics: Scope and application from forensic odontology perspective. *J Oral Maxillofac Pathol.* 2022;26(4):558–563. doi: 10.4103/jomfp.jomfp_341_21
105. Hadi I, Abdullah M, Jaber A, Yoke C. Genetic variation of twenty autosomal STR loci and evaluate the importance of these loci for forensic genetic purposes. *Afr J Biotechnol.* 2014;13(11):1210–1218. doi: 10.5897/AJB2013.12923
106. Dash HR, Rawat N, Kakkar S, Swain AK. *Fundamentals of autosomal STR typing for forensic applications: Case studies*. In: DNA fingerprinting: Advancements and future endeavors. 2018. P. 209–221. doi: 10.1007/978-981-13-1583-1_12
107. Sharma AK, Ghosh T. High autosomal STR allele sharing between full siblings. *Aust J Forensic Sci.* 2010;42(2):137–140. doi: 10.1080/00450610903258078
108. Guerrini CJ, Brooks WB, Robinson JO, et al. IGG in the trenches: Results of an in-depth interview study on the practice, politics, and future of investigative genetic genealogy. *Forensic Sci Int.* 2024;356:111946. doi: 10.1016/j.forsciint.2024.111946
109. Wickeheiser RA. Expanding DNA database effectiveness. *Forensic Sci Int Synerg.* 2022;4:100226. doi: 10.1016/j.fsisyn.2022.100226
110. Ruitbrg CM, Reeder DJ, Butler JM. STRBase: A short tandem repeat DNA database for human identity testing community. *Nucleic Acid Res.* 2001;29(1):320–322. doi: 10.1093/nar/29.1.320
111. Combined DNA index system (CODIS). Federal Bureau of investigations (US). [2024 March 28]. Available from: <http://www.justice.gov/oig/reports/FBI/a0126/final.pdf>. Accessed: 15.07.2024.
112. Combined DNA Index system. DNA Initiative [2024 March 28]. Available from: <http://www.dna.gov/dna-databases/codis>. Accessed: 15.07.2024.
113. D'Atanasio E, Cruciani F, Trombetta B. *Single-nucleotide polymorphisms: An overview of the sequence polymorphisms*. In: Forensic DNA Analysis. 2021. P. 23–50. doi: 10.1201/9781003043027-3
114. Kitamura M. [DNA typing for individual identification]. *Yakugaku Zasshi.* 2019;139(5):725–730. doi: 10.1248/yakushi.18-00166-6
115. Wu L, Chu X, Zheng J, et al. Targeted capture and sequencing of 1245 SNPs for forensic applications. *Forensic Sci Int Genet.* 2019;42:227–234. doi: 10.1016/j.fsigen.2019.07.006
116. Darwin D, Sakthivel S, Castelino RL, et al. Oral cavity: A forensic kaleidoscope. *J Health Allied Sci.* 2022;12(1):7–12. doi: 10.1055/s-0041-1731117
117. Ata-Ali J, Ata-Ali F. Forensic dentistry in human identification: A review of the literature. *J Clin Exp Dent.* 2014;6(2):e162–e167. doi: 10.4317/jced.51387
118. Rajkumari S. Oral autopsy-dental surgeon's perspective. *J Forensic Dent Sci.* 2020;12(1):66–71. doi: 10.18311/jfdds/12/1/2020.9
119. Pandeshwar P, Das R. Role of oral fluids in DNA investigations. *J Forensic Leg Med.* 2014;22:45–50. doi: 10.1016/j.jflm.2013.12.007
120. Lovisolo F, Ogbanga N, Squazzi G, et al. Oral and skin microbiome as potential tools in forensic field. *Forensic Sci Int Genet Suppl Ser.* 2022;8:65–67. doi: 10.1016/j.fsigss.2022.09.024
121. Heathfield LJ, Haikney TE, Mole CG, et al. Forensic human identification: Investigation into tooth morphotype and DNA extraction methods from teeth. *Sci Justice.* 2021;61(4):339–344. doi: 10.1016/j.scijus.2021.05.005
122. Hochmeister MN. PCR analysis of DNA from fresh and decomposed bodies and skeletal remains in medico legal death investigations. *Methods Mol Biol.* 1998;98:19–26. doi: 10.1385/0-89603-443-7:19
123. Smith BC, Fisher DL, Weedn VW, et al. A systematic approach to the sampling of Dental DNA. *J Forensic Sci.* 1993;38(5):1194–209. doi: 10.1520/jfs13524j

- 124.** Tran-Hung L, Tran-Thi N, Aboudharam G, et al. New method to extract dental pulp DNA: Application to universal detection of bacteria. *PLoS One*. 2007;2(10):e1062. doi: 10.1371/journal.pone.0001062
- 125.** Sweet D, Hildebrand D. Recovery of DNA from human teeth by cryogenic grinding. *J Forensic Sci*. 1998;43(6):1199–1202. doi: 10.1520/jfs14385j
- 126.** Kaleelullah RA, Hamid P. Forensic odontology, a boon and a humanitarian tool: A literature review. *Cureus*. 2020;12(3):e7400. doi: 10.7759/cureus.7400
- 127.** Qadri AW, Yadav S, Jain A, et al. Tooth as a vital source of DNA in forensic odontology: Recent perspective. *J Dent Educ*. 2023;9(2):73–79. doi: 10.25259/JADE_43_2023
- 128.** Lozano-Peral D, Rubio L, Santos I, et al. DNA degradation in human teeth exposed to thermal stress. *Sci Rep*. 2021;11(1):12118. doi: 10.1038/s41598-021-91505-8
- 129.** Raffone C, Baeta M, Lambacher N, et al. Intrinsic and extrinsic factors that may influence DNA preservation in skeletal remains: A review. *Forensic Sci Int*. 2021;325:110859. doi: 10.1016/j.forsciint.2021.110859
- 130.** Carrasco P, Inostroza C, Didier M, et al. Optimizing DNA recovery and forensic typing of degraded blood and dental remains using a specialized extraction method, comprehensive qPCR sample characterization, and massively parallel sequencing. *Int J Legal Med*. 2020;134(1):79–91. doi: 10.1007/s00414-019-02124-y
- 131.** Correa HS, Cortellini V, Brescia G, Verzeletti A. Human identification through DNA analysis of restored postmortem teeth. *Forensic Sci Int Genet*. 2020;47:102302. doi: 10.1016/j.fsigen.2020.102302
- 132.** Utama V, Tanjung R, Quendangen A, et al. *The role of dental record data in the mass disaster identification process: A case report of the Sriwijaya SJ-182 airplane crash*. In: Quality Improvement in Dental and Medical Knowledge, Research, Skills and Ethics Facing Global Challenges. CRC Press; 2024. P. 299–304. doi: 10.1201/9781003402374-46
- 133.** Pajnič IZ. Molecular genetic aspects of ancient DNA analyses. *Zdrav Vestn*. 2020;89(3-4):171–189. doi: 10.6016/ZdravVestn.2923
- 134.** EM-DAT: The OFDA/CRED International Disaster Database. Disaster Data: A Balanced Perspective. Issue 48. [2017, Sept]. Available from: <http://www.emdat.be/#pager>. Accessed: 15.07.2024.
- 135.** Dutta SR, Singh P, Passi D, et al. The role of dentistry in disaster management and victim identification: An overview of challenges in Indo-Nepal scenario. *J Maxillofac Oral Surg*. 2016;15:442–448. doi: 10.1007/s12663-016-0896-4
- 136.** Gambhir RS, Singh G, Talwar PS, et al. Knowledge and awareness of forensic odontology among dentists in India: A systematic review. *J Forensic Dent Sci*. 2016;8(1):2–6. doi: 10.4103/0975-1475.176954
- 137.** Lau G, Tan WF, Tan PH. After the Indian ocean tsunami: Singapore's contribution to the international disaster victim identification effort in Thailand. *Ann Acad Med Singapore*. 2005;34(5):341–351.
- 138.** James H. Thai tsunami victim identification: Overview to date. *J Forensic Odonto-stomatol*. 2023;23(1):1–18.

ОБ АВТОРАХ

* **R.M. Lopez Toribio**, магистр судебной медицины;
адрес: Перу, Санта-Мария-де-ла-Пас, Уануко, la Paz Sur M A – L 54;
ORCID: 0009-0001-3367-4920;
e-mail: miolopeztoribio@hotmail.com

N.E. Castaneda Eugenio, MD;
ORCID: 0000-0002-3016-663X;
e-mail: ncastaneda@unheval.edu.pe

D.A. Manrique de Lara Suarez, MD;
ORCID: 0000-0003-4488-252X;
e-mail: dmanrique@unheval.edu.pe

AUTHORS' INFO

* **Roe M. Lopez Toribio**, MD, Master's in forensic medicine;
address: la Paz Sur M A – L 54 – Santa Maria, Huaura-Peru;
ORCID: 0009-0001-3367-4920;
e-mail: miolopeztoribio@hotmail.com

Nancy E. Castaneda Eugenio, MD;
ORCID: 0000-0002-3016-663X;
e-mail: ncastaneda@unheval.edu.pe

Digna A. Manrique de Lara Suarez, MD;
ORCID: 0000-0003-4488-252X;
e-mail: dmanrique@unheval.edu.pe

* Автор, ответственный за переписку / Corresponding author